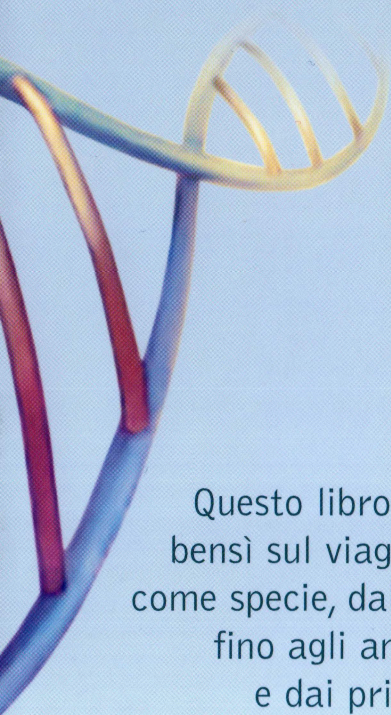
Spencer Wells

IL LUNGO VIAGGIO DELL'UOMO

L'odissea della specie

LONGANESI

Questo libro non è sull'origine dell'uomo,
bensì sul viaggio che noi abbiamo compiuto
come specie, dal nostro luogo d'origine in Africa
fino agli angoli più lontani della Terra,
e dai primissimi documenti fossili
dell'uomo pienamente moderno fino a oggi, e oltre...
la genetica ci fornisce una carta
delle nostre migrazioni
e ci dà un'idea approssimativa delle date,
e sta a noi riconciliare tutte queste informazioni
con la documentazione archeologica e climatologica,
per arricchire il quadro
col maggior numero possibile di particolari.

ISBN 88-304-2135-9
9 788830 421356

La straordinaria avventura ricostruita in questo libro non avrebbe potuto essere raccontata prima d'ora. Fino a non molto tempo fa, infatti, conoscevamo in modo più o meno soddisfacente, grazie all'archeologia, gli ultimi tre o quattro millenni della storia umana. Una storia che in realtà è molto più lunga, molto più anche dei seimila anni tradizionalmente concessi dalle cronologie bibliche. Metodi di datazione fondati soprattutto sul decadimento di isotopi radioattivi hanno permesso di stabilire che uomini anatomicamente moderni esistono da almeno 100-200.000 anni. Ma la maggior parte del tempo che ci separa dai primi esemplari di *Homo sapiens* è scarsamente documentata, e i resti fossili disponibili consentono soltanto congetture più o meno arbitrarie.
Oggi, grazie alle nuove tecniche di ricerca sviluppate dalla genetica, è diventato possibile almeno abbozzare le linee essenziali del lungo viaggio, cominciato non più di 50-60.000 anni fa, che condusse popolazioni nomadi dotate di rozza tecnologia, e che seguivano gli animali nelle loro migrazioni, a occupare tutti i continenti, superando grandi ostacoli geografici e climatici.
Le nuove tecniche della genetica usate da Wells – fondate sul DNA mitocondriale (che viene trasmesso solo dalla madre e ha quindi permesso di stabilire una genealogia femminile) e sul cromosoma Y (che trasmettendosi solo di padre in figlio ha consentito di stabilire una genealogia maschile) – hanno portato all'individuazione di una «Eva mitocondriale», vissuta circa 150.000 anni fa, e di un Adamo che potrebbe essere vissuto anche lui in Africa. Tali metodiche, fra l'altro, hanno definitivamente sfatato una convinzione diffusa: che i moderni europei siano discendenti dell'uomo di Neandertal. Inoltre, hanno fornito una chiave per ricostruire non solo la diffusione dell'uomo, ma anche la storia e la genealogia delle lingue. E forse il grande balzo intellettuale verificatosi in Africa nell'imminenza del grande viaggio, di cui sono un prodotto anche le grandi opere di pittura rupestre del Paleolitico Superiore, permise alla nostra specie di colonizzare il resto del pianeta. In ogni caso queste scoperte, pur molto importanti, rappresentano la prima traccia di una storia assai più dettagliata, la cui decifrazione richiederà ancora molti anni.

In copertina: illustrazione di Daniele Gay

GRAFICA STUDIO BARONI

Questo volume appartiene alla collezione
» LA LENTE DI GALILEO « 36

Spencer Wells, nato nel 1969, ha conseguito il dottorato a Harvard nel 1994, studiando genetica di popolazioni ed evoluzione. Ha poi lavorato con Luca Cavalli Sforza alla Stanford University, e con Sir Walter Bodmer a Oxford. Autore di una trentina di pubblicazioni, affianca all'attività scientifica quella di documentarista.

€ 17,60 (*i.i.*)

www.longanesi.it

La collana è diretta da
Piergiorgio Odifreddi

IL LUNGO VIAGGIO DELL'UOMO

L'ODISSEA DELLA SPECIE

di

SPENCER WELLS

Traduzione di
LIBERO SOSIO

IL LUNGO VIAGGIO DELL'UOMO

A mia moglie, Trendell,
e alle nostre figlie, Margot e Sasha
(comunque i cromosomi Y sono sopravvalutati...)

Scopo della scienza non è tanto quello di aprire la porta all'infinito sapere, quanto quello di porre una barriera all'infinita ignoranza.

Bertolt Brecht, *Vita di Galileo*

PREFAZIONE

La maggior parte delle persone sa i nomi dei propri nonni, molti sanno anche quelli dei bisnonni, e alcuni persino quelli dei trisnonni. Oltre questo limite, però, entriamo in un regno oscuro e misterioso noto come storia, al di là del quale possiamo solo muoverci con passi esitanti, procedendo a tentoni sulla base di suggerimenti che ci vengono bisbigliati all'orecchio. Chi furono i nostri avi? Dove vissero? Come vivevano?

In questo libro sosterrò che le risposte a queste domande possono essere trovate nel nostro codice genetico, che fa di noi una specie unica, ma anche individui unici. Il nostro DNA contiene un documento storico, scritto con quattro soli semplici caratteri, che, risalendo all'origine della vita e alla prima molecola capace di autoreplicarsi, è pervenuto con progressive modificazioni fino a noi, conservando perfino tracce delle amebe nostre lontane progenitrici. Noi siamo il risultato finale di più di un miliardo di anni di *bricolage* dell'evoluzione, e i nostri geni contengono le suture e le saldature che rivelano la storia.

A fornire le risposte alle domande formulate sopra non è il codice stesso, bensì le differenze che vediamo quando confrontiamo il DNA di due o più individui. Queste differenze sono il linguaggio storico dei geni. Come non includeremmo in una classificazione dei pesci il fatto di vivere in acqua, essendo questo un carattere comune a tutti i pesci, così le parti identiche del nostro codice genetico non ci dicono niente della nostra storia. La storia sta nelle differenze, e sono queste che noi studieremo.

Questo libro non è sull'origine dell'uomo, bensì sul viag-

gio che abbiamo compiuto come specie, dal nostro luogo d'origine in Africa fino agli angoli più lontani della Terra, e dai primissimi documenti fossili dell'uomo pienamente moderno fino a oggi, e oltre. L'argomentazione portata avanti in tutto il libro è che la genetica ci fornisce una carta delle nostre migrazioni e ci dà un'idea approssimativa delle date, e sta a noi riconciliare tutte queste informazioni con la documentazione archeologica e climatologica, per arricchire il quadro col maggior numero possibile di particolari. Ovviamente ogni viaggio deve avere un inizio, e questo non fa eccezione. Esso comincia con il nostro sforzo scientifico per dare un senso alla diversità umana, cosa che ci conduce al luogo d'origine della nostra specie. I metodi che usiamo per inferire la nostra origine africana sono gli stessi che usiamo per ricostruire il viaggio globale dell'umanità. È il viaggio stesso che è al centro della nostra attenzione: è per questa ragione che sono stati lasciati fuori la maggior parte dei dati concernenti i nostri antenati ominidi.

Questo libro fu concepito in origine in funzione del progetto di un film documentario con lo stesso titolo. Col tempo assunse però una vita propria, e oggi è diventato un'entità a sé, fornendo un'analisi molto più dettagliata dello sfondo scientifico di quanto non si possa fare in televisione. Il film, d'altra parte, presenta un'esperienza (quasi) di prima mano, trasmettendo l'eccitazione e il senso d'avventura del viaggio come possono fare solo immagini in movimento, cosicché spero che i lettori del libro apprezzeranno allo stesso modo il film.

Benché sia stato spesso difficile destreggiarsi simultaneamente col film e col libro, dal doppio progetto scaturirono alcuni vantaggi significativi. Per me la possibilità di ripercorrere il mio personale « viaggio dell'uomo » e quella di incontrare persone di tutto il mondo – di vedere come vivono e di discutere con loro i risultati scientifici della mia ricerca – furono esperienze profonde e meravigliose. Spero che il libro riesca a comunicare qualcosa di tale sensazione.

Il titolo fu scelto per una ragione ben precisa, e non fu certo ispirato dal maschilismo. Il viaggio che ho ricostruito è primariamente quello fatto dagli esseri umani di sesso maschile, perché è il cromosoma Y, ereditato da «Adamo» e trasmesso a tutta la linea, a fornirci lo strumento più efficace per la determinazione del viaggio. Il cromosoma Y ci aiuta a situare le pietre, le ossa e le lingue nel loro contesto storico meglio di qualsiasi altra parte del nostro codice genetico, e in definitiva ci fornisce le risposte genetiche che stiamo cercando. Ovviamente, per lasciare discendenti, quegli antichi gruppi umani dovevano comprendere anche donne; benché il viaggio che stiamo seguendo possa lasciare fuori qualche particolare specificamente femminile, la risoluzione che possiamo conseguire seguendo solo la linea maschile giustifica questa omissione.

Quella che segue è una storia investigativa scientifica guidata dall'ordine cronologico degli eventi. Prenderemo l'avvio da una domanda ingannevolmente semplice: come possiamo stabilire se il concetto di «razze» umane abbia una qualche validità? Noi esseri umani apparteniamo a un'unica specie, o esistono divisioni nette fra gruppi umani? Dopotutto, noi sembriamo così diversi l'uno dall'altro! La risposta a questa domanda, fornita per la prima volta dal mio *adviser* per la tesi di dottorato a Harvard, Richard Lewontin, ci fornisce un indizio sul viaggio, ma non ce ne rivela i dettagli cruciali.

La seconda domanda importante riguarda la nostra distribuzione geografica. Come siamo giunti a occupare ogni angolo del globo? I marcatori del DNA possono fornirci i dettagli. I metodi per farlo, sviluppati nel corso di mezzo secolo, sono stati molto influenzati da Luigi Luca Cavalli Sforza, con cui ho avuto la fortuna di lavorare come borsista a Stanford dopo il dottorato (1994). Fu un'intuizione di Luca – genetista con la passione per la storia e con grandi doti matematiche – a fornirci una macchina del tempo capace di richiamare in vita le storie del passato a partire dagli individui

che vivono nel presente. Non avrei mai potuto scrivere questo libro senza la sua presenza intellettuale, ed è impossibile non avere coscienza dei propri limiti quando si lavora con uno scienziato della sua levatura.

Una delle cose che rafforzano la nostra impressione di essere impegnati in uno scavo archeologico è la sensazione che abbiamo nel vedere e maneggiare utensili che sono stati toccati per l'ultima volta da mani umane centinaia o migliaia di anni fa. La sensazione è spesso così forte da suscitare in noi un senso di *déjà-vu*, come se fossimo stati in qualche modo trasportati indietro nel tempo. Quando ero bambino vidi la mostra di Tutankhamon che stava girando gli Stati Uniti, e fui colpito dalla combinazione di abilità moderna e antichità. Sembrava quasi che i pezzi, anche se favolosamente esotici, potessero essere stati prodotti la settimana prima da qualche abile artigiano. Il fatto che avessero quasi quattromila anni era straordinario e suscitò in me una curiosità per il passato che non si è mai sopita. La genetica, o almeno la branca di questa scienza che informa l'argomento delle origini e migrazioni umane, ha necessariamente una presa visiva meno forte dell'archeologia, nonostante le storie affascinanti che racconta. La nostra conoscenza della storia genetica è inferita dal sangue delle persone oggi viventi: è il loro genoma *vivente* a fornircene gli indizi. Ognuno di noi porta in sé il libro della propria storia personale: dobbiamo semplicemente imparare a leggerlo.

Gli aborigeni australiani affermano il loro senso di connessione con i loro antenati e con la loro patria attraverso una storia musicale: cosa che Bruce Chatwin e altri hanno chiamato una « via dei canti ». Queste « vie dei canti » riflettono il viaggio reale compiuto dai loro antenati durante il « tempo di sogno », un periodo del lontano passato prima che si formasse la memoria collettiva. In un certo senso, questo è esattamente quel che stiamo tentando di fare noi con i nostri studi sul DNA: ricostruire una « via dei canti » globale per tutte le persone che vivono oggi, descrivendo come esse

siano arrivate nel luogo in cui vivono oggi, e come sia stato il loro viaggio. In quanto occidentali laici, noi abbiamo perso le nostre « vie dei canti » più di altri popoli di tutto il mondo, cosicché è forse appropriato che la scienza occidentale abbia sviluppato i metodi per riscoprirle. La nostra ricerca non si svolge tuttavia in un vuoto, e la scienza può a volte maltrattare certe nostre credenze culturali. Io spero che questo libro possa essere un piccolo passo verso la trasformazione di questo campo di studio in ciò che effettivamente è: uno sforzo compiuto in collaborazione fra persone di tutto il mondo interessate a condividere la loro storia.

Così, dopo avere tracciato queste linee generali, iniziamo il nostro scavo genetico. Il passato ci attende...

1
LA SCIMMIA DIVERSA

> E Dio creò l'uomo a sua immagine; lo creò a immagine di Dio; li creò maschio e femmina. E Dio li benedisse; e disse loro: « Crescete e moltiplicatevi... »
>
> *Genesi*, 1: 27-28

Si possono trovare miti della creazione al centro di tutte le religioni. La maggior parte cercano di rispondere alla domanda tipica dei bambini « da dove veniamo? », di spiegare in modo conciso la nostra esistenza e il nostro posto nel mondo. Ma pur tentando di spiegare come abbiamo avuto origine, i miti della creazione non spiegano mai la varietà di culture, forme, grandezze e colori che vediamo quando osserviamo la gente di tutto il mondo. Perché siamo così diversi l'uno dall'altro, e come siamo pervenuti a popolare luoghi così lontani fra loro?

Erodoto, lo storico greco del V secolo a.C., ha fornito ai posteri molto più di una descrizione delle guerre fra greci e persiani. Egli ci ha dato anche le prime chiare descrizioni delle differenze umane, viste attraverso una peculiare lente classica. Nelle sue pagine apprendiamo degli scuri e misteriosi libici, della popolazione barbara degli androfagi, del nord della Russia, che « si cibano di carne umana » (IV, 106), e troviamo descrizioni di popoli che somigliano ai turchi e ai mongoli. Erodoto racconta storie fantastiche di « grifoni che custodiscono l'oro » (IV, 13) sulle montagne dell'Asia, e ci offre descrizioni esotiche di tribù del nord dell'India che raccolgono oro dai formicai.[1] Nell'insieme è un vero tour de force, il primo trattato etnografico nella letteratura

occidentale e, nonostante i suoi chiari limiti, un'istantanea preziosa del mondo noto a quell'epoca.

Se dovessimo assumere il ruolo di un ingenuo Erodoto dei nostri giorni e compiere un viaggio intorno al mondo lungo l'equatore, troveremmo sorprendente la diversità degli uomini e dei luoghi. Immaginiamo per un istante di essere su un aereo al di sopra dell'oceano Atlantico, al centro stesso del globo cartesiano – 0° di latitudine, 0° di longitudine –, un migliaio circa di km a ovest di Libreville, sul Gabon, nell'Africa centro-occidentale. Se immaginiamo che l'aereo voli verso est, e ci concediamo la possibilità fantascientifica di osservare quanto avviene al suolo sotto di noi, otteniamo un piccolo campione della diversità umana.

I primi popoli in cui ci imbattiamo sono africani, più specificamente centroafricani, e parlano lingue bantu. Essi hanno pelle molto scura e vivono primariamente in piccoli villaggi in radure strappate alla foresta. Procedendo verso est, continuiamo a vedere popoli dalla pelle scura ma dall'aspetto un po' diverso. Sono le popolazioni dei nilotici, alti e sottili, dell'Africa orientale, fra i popoli più alti della Terra. Essi vivono in savane erbose, e dipendono quasi completamente dal bestiame per la loro sopravvivenza. Fra questi gruppi sono sparse altre popolazioni, che parlano un'altra lingua ancora, la quale è così diversa dal nilotico e dal bantu quanto questi gruppi differiscono da tali popolazioni, pur vivendo a contatto abbastanza stretto con loro: sono gli hadza.

Continuando il nostro viaggio verso est ci imbattiamo in una grandissima distesa d'acqua – così grande che è impossibile vederne la fine –, e ci pare che passi un'eternità prima di scorgere altra terra: l'arcipelago noto come le Maldive. Qui la gente sembra del tutto diversa da quella che abbiamo visto in Africa, e parla un'altra lingua ancora. La pelle è scura come quella degli africani, ma i lineamenti – forma del naso, tipo di capelli e altri dettagli minori – sono diversi. Questa popolazione è chiaramente connessa agli africani, ma con evidenti differenze.

Mentre proseguiamo il nostro viaggio – al di sopra della stessa immensa distesa d'acqua – vediamo una grande isola sorgere dal mare dinanzi a noi. Siamo arrivati a Sumatra, e qui ci imbattiamo in un tipo umano ancora diverso; sono persone un po' più piccole degli africani e degli abitanti delle Maldive, con caratteristiche del viso peculiari: capelli molto lisci, pelle più chiara e palpebre più spesse. Più a est, dopo avere superato innumerevoli altre isole, incontriamo un'altra popolazione dalla pelle molto scura: i melanesiani. Essi differiscono però dagli africani sotto molti altri aspetti: la loro pelle scura è quindi un carattere che si è evoluto in questa regione? Oppure indica una stretta connessione con l'Africa?

Ci imbattiamo poi nei polinesiani, che vivono su piccoli atolli corallini separati da migliaia di chilometri di oceano aperto. Essi sembrano in qualche misura simili agli abitanti di Sumatra che abbiamo incontrato in precedenza, ma, come sempre accade, presentano in realtà grandi differenze. La domanda più importante è perché vivano in luoghi tanto remoti: come vi sono arrivati?

Continuando il nostro volo troviamo la costa dell'Ecuador, nella parte occidentale del Sudamerica. Nella capitale, Quito, osserviamo uno strano miscuglio di popoli. Pare ci siano due tipi principali: uno assomiglia, sotto certi aspetti, alla popolazione delle Maldive, ma con una pelle più chiara, e l'altro sembra più vicino alle popolazioni di Sumatra e della Polinesia. Pare strano trovare tipi di umanità così divergenti che vivono nello stesso luogo, visto che le altre località che abbiamo visitato tendevano a essere più omogenee sotto questo punto di vista. Perché l'Ecuador è così diverso? Un miscuglio diverso di popolazioni si trova più a est, dove, sulla costa nordorientale del Brasile, ci imbattiamo di nuovo in africani, che però vivono molto lontano dall'Africa! Durante il nostro lungo viaggio, prima di tornare al punto di partenza, riflettiamo sul panorama umano che si è dispiegato davanti ai nostri occhi, e tentiamo di formulare una spiegazione che ci permetta di capire quella diversità.

Il nostro breve giro del mondo è stato una sorta di esperimento mentale, nel corso del quale abbiamo immaginato un'esperienza simile a quella che devono avere fatto qualche secolo fa i primi navigatori europei impegnati nei «viaggi di scoperta». Fingendo di ignorare tutto, possiamo porci alcune domande semplici che oggi in realtà ci sembrano banali, data la nostra conoscenza della storia. La cosa interessante in questo esperimento mentale è che, fino a pochissimo tempo fa – trascurando gli africani e gli europei che si incontrano in Sudamerica –, non c'era una spiegazione semplice per la distribuzione geografica attuale dei gruppi umani.

Una sola specie...

Il 30 giugno 1860 un ecclesiastico adirato – il vescovo di Oxford, Samuel Wilberforce – preparò la scena per il suo attacco nella sala grande del Museo di zoologia della stessa città. Era pronto per la lotta, non solo per se stesso, ma per qualcosa di molto più importante: la sua visione del mondo. Wilberforce pensava che quella che si apprestava a scatenare fosse una lotta per il futuro della cristianità. Oggetto del convegno doveva essere una discussione formale sul posto dell'uomo in natura, un campo d'indagine che fino ad allora era stato riservato ai filosofi e alla Chiesa. Il vescovo, che interpretava le Sacre Scritture alla lettera, credeva che il mondo fosse stato creato da Dio il 23 ottobre del 4004 a.C., data ottenuta contando gli anni della genealogia descritta nella Bibbia. Nel corso della sua conferenza, si pose una domanda pungente, che stava frullando per la mente anche di molte persone del pubblico: davvero l'uomo poteva essere imparentato con una scimmia? La cosa gli sembrava proprio assurda!

Wilberforce era un oratore efficace, e a molte persone del pubblico le sue argomentazioni parvero del tutto convincenti. Ma anche se quel giorno difese efficacemente le sue idee in sala, a lungo termine era destinato alla sconfitta. E, anti-

cipando un mutamento significativo nella nostra visione del posto dell'uomo nel mondo, i vincitori a più lungo termine di quello scontro non furono filosofi o ecclesiastici, bensì scienziati di professione. Joseph Hooker e Thomas Henry Huxley, due vittoriani per eccellenza, erano forti sostenitori della nuova teoria dell'evoluzione per selezione naturale di Charles Darwin. Huxley, docente di biologia alla School of Mines di Londra, divenne noto in seguito come il « mastino di Darwin ». Hooker era un ottimo botanico, oltre che vicedirettore dei Royal Botanical Gardens a Kew. Quando essi si alzarono in piedi, al termine della conferenza di Wilberforce, per confutare le sue argomentazioni emotive, suonarono la campana a morto per le antiche concezioni sull'origine dell'uomo. La scienza stava mostrando la via a un *brave new world.*

La discussione fra Wilberforce, Hooker e Huxley non servì solo a rafforzare l'accettazione dell'evoluzione fra il pubblico – la maggior parte delle persone colte aveva già cominciato a vedere il mondo in una cornice evoluzionistica –, ma anche a ridefinire il posto dell'umanità in essa. Finché gli uomini avevano considerato se stessi una creazione divina da parte di un essere onnipotente, avevano potuto giustificare facilmente il loro isolamento dal resto del mondo vivente. Padroni, conquistatori, forse figli prediletti, ma diversi.

L'intuizione di Darwin cambiò tutto. Questa persona schiva, dispeptica, scalzò l'umanità, con pochi tratti di penna (e una ventina d'anni di ricerche sui piccioni e sui cirripedi), dalla sua condizione di frutto di una creazione speciale divina, facendone un prodotto fai da te dell'evoluzione biologica. E la cosa strana è che egli non si era affatto proposto un obiettivo del genere. Darwin, rampollo di una facoltosa famiglia vittoriana (suo nonno materno era Josiah Wedgwood, fondatore della famosa fabbrica di ceramiche; suo padre era un ricco medico, e lo stesso Darwin dedicava parte della giornata a sorvegliare i suoi investimenti), non aveva alcuna intenzione di provocare quello sconquasso quando par-

tì per il suo viaggio di scoperta sul *Beagle* nel 1831. Egli era senza dubbio alla ricerca di avventure, e aveva bisogno di qualcosa che lo salvasse dall'incombente inevitabilità di una posata carriera di parroco di campagna: la scelta logica per un diplomato di Cambridge a quell'epoca. Ma stava cercando anche qualcos'altro.

Come molti vittoriani del suo tempo, Darwin aveva sviluppato nella sua infanzia un acuto interesse per la scienza. I suoi interessi andavano decisamente ai tipi di scienza praticabili all'aperto (nella sua esperienza c'erano stati i soliti incidenti di chimica: una volta, quando un suo esperimento ebbe un esito esplosivo, andò distrutto un padiglione con laboratorio in giardino). Egli aveva una grandissima passione per i coleotteri (che era stata intensificata in gioventù dalla caccia condotta insieme al cugino William Darwin Fox) e spese molte ore nella ricerca sul campo di esemplari esotici. Fu però il suo interesse per la geologia, sviluppato mentre era studente a Cambridge, ad avere il massimo impatto sulle sue ricerche future.

All'inizio dell'Ottocento la geologia stava subendo una rivoluzione, che avrebbe messo in discussione l'intera comprensione della storia del mondo tramandata dalla Bibbia. Darwin aderiva a una linea di pensiero, formulata per la prima volta da Charles Lyell, che divenne nota come uniformismo o attualismo. Lyell era convinto che le forze e i materiali che si trovano nel mondo oggi si fossero sempre comportati essenzialmente nello stesso modo, anche nel passato più remoto. In diametrale opposizione alla scuola di pensiero dell'uniformismo era il catastrofismo, orientamento che aveva fra i suoi massimi esponenti Louis Agassiz, scienziato svizzero trapiantato in America che aveva fondato il Museo di storia naturale della Harvard University. I catastrofisti credevano che la Terra fosse passata per lunghi periodi di stasi nei quali non accaddero molte cose, ma che in certi periodi si fosse scatenato l'inferno. Questo inferno poteva avere assunto la forma di un diluvio biblico, di un'epoca glaciale, o di

un grande sollevamento nella crosta terrestre. Tutti i cambiamenti importanti – negli organismi come nel pianeta stesso – dovevano essere stati determinati da tali eventi eccezionali. La distribuzione stessa delle specie vegetali e animali nel mondo sarebbe stata determinata da una serie di eventi catastrofici durante la loro storia.

Il problema, nel caso del catastrofismo, era che contava troppo sull'utilità di eventi straordinari, mentre c'erano moltissimi cambiamenti che sembrava fossero occorsi nel normale corso delle cose, senza catalizzatori troppo drastici. Se i cambiamenti potevano verificarsi senza il concorso di eventi causali importanti, che bisogno c'era di invocarli? Perché non supporre che la Terra fosse passata semplicemente per una sequenza costante di cambiamenti graduali, e che su lunghi periodi di tempo l'accumulo di questi mutamenti insensibili potesse produrre risultati importanti? Sembrava un'ipotesi molto più facile da conciliare con i dati reali, disse Lyell.

Tutto questo stava filtrando nella mente del giovane Darwin quando si imbarcò sul brigantino della marina britannica *Beagle*, accettato come « gentiluomo accompagnatore » del capitano Fitzroy. Questa posizione insolita era connessa con gli usi sociali vittoriani, secondo i quali il capitano apparteneva a una classe sociale troppo elevata per potersi mescolare con la ciurma. A bordo c'era, in effetti, un naturalista ufficiale – il chirurgo della nave –, che però terminò il suo viaggio in Brasile dopo un litigio con Fitzroy. Darwin fu comunque il naturalista di fatto del viaggio, e la sua mancanza di uno status ufficiale in proposito gli permise una grande libertà d'azione nei suoi studi.

Il diario in cui egli raccontò quest'avventura durata cinque anni, il *Viaggio di un naturalista intorno al mondo*, è un classico della letteratura di viaggi dell'Ottocento. Durante questo giro del mondo Darwin fece varie scoperte importanti, trovando fra l'altro una spiegazione ragionevole del perché gli atolli corallini sono rotondi (il fenomeno ha attinenza con la recessione di vulcani) e stabilendo che i tahitia-

ni erano persone davvero molto attraenti. La cosa più importante – la prima intuizione del funzionamento della selezione naturale, e del suo ruolo nell'origine e nell'evoluzione delle specie – è stata esaminata così spesso che non è necessario ripeterla qui. Basti dire che Huxley e Wilberforce non si sarebbero mai affrontati nel 1860, e che voi non avreste mai letto questo libro se Darwin non avesse riconosciuto nella selezione naturale la forza motrice dell'evoluzione.

Quello che ci interessa qui è uno degli altri argomenti di studio di Darwin, che si affaccia anche in questa sua prima opera importante. È un argomento trattato in modo più sottile della discussione dell'evoluzione biologica, anticipando l'esitazione che quasi trent'anni dopo gli avrebbe sconsigliato di includere una trattazione diretta dell'argomento nell'*Origine delle specie*. Questo argomento è l'uomo, o piuttosto la grande variabilità fra le tante popolazioni umane in cui egli si imbatté nel suo viaggio, osservato con la lente di uno scienziato vittoriano ansioso di spiegare tutte le regolarità che osservava. Perché le popolazioni umane nelle varie regioni del mondo sono così diverse fra loro?

Il *Beagle* salpò da Devonport, nei pressi di Plymouth, il 27 dicembre 1831, facendo successivamente scalo alle isole del Capo Verde, in Brasile, Argentina, nella Terra del Fuoco, in Cile, Ecuador, Galápagos, Tahiti, Nuova Zelanda, Australia, Mauritius e (di nuovo) Brasile, prima di fare ritorno in patria il 2 ottobre 1836. Nel corso di un viaggio così lungo, Darwin ebbe la possibilità di conoscere di prima mano molti gruppi umani diversi. Esplorò il Brasile, ebbe modo di vedere i *gauchos* argentini in azione nella pampa e fece un'escursione nelle Ande con guide cilene. Forse la popolazione più peculiare che incontrò furono i nativi della Terra del Fuoco.

Darwin descrisse i fuegini come «poveri rottami umani [...] rachitici, [con] facce orribili imbrattate di pittura bianca, pelle sudicia e untuosa, capelli arruffati, voce sgraziata e gesti violenti. Guardando uomini siffatti, si stentava a credere che fossero nostri simili».[2] È un'immagine chiaramente

molto diversa da quella che ci si affaccia alla mente quando pensiamo ai « nobili selvaggi ». Eppure Darwin stava viaggiando proprio con tre fuegini portati a Londra cinque anni prima dal capitano Fitzroy. Chiamati dai loro rapitori con i nomi coloriti di Fuegia Basket, Jemmy Button e York Minster, i loro veri nomi erano Yokcushlu, Orundellico ed El'leparu. Portati via dagli inglesi nel corso del viaggio precedente come una sorta di ostaggio per il furto di una piccola imbarcazione, i fuegini erano chiaramente fuori del loro elemento nella Gran Bretagna vittoriana. Avevano tuttavia imparato a parlare un inglese rudimentale e avevano addirittura cominciato ad assumere alcune affettazioni delle classi medie britanniche. Jemmy, per esempio, quando Darwin aveva il mal di mare – cosa che accadeva con desolante regolarità – esclamava spesso: « Povero, povero amico mio » (*Poor, poor fellow*). Nonostante la natura completamente estranea dei fuegini nella loro terra natia, Darwin li vedeva chiaramente come membri della nostra stessa specie, anche se con una visione classista dell'umanità chiaramente influenzata dalla sua educazione vittoriana. Li contrappose però addirittura in termini favorevoli ai marinai del *Beagle* quando si occupò di superstizioni, e criticò il livello generalmente inferiore della loro cultura materiale sulla base di un sistema politico egualitario. Anche se poteva essere ingenuo in politica, Darwin era scientificamente in anticipo sul suo tempo.

Cosa importante, nello scontro eredità-ambiente Darwin era sceso in campo dalla parte dell'ambiente. Persino i fuegini, per orrendi che potessero essere allo stato di natura, appartenevano alla stessa specie dell'equipaggio del *Beagle*. Nel capitolo conclusivo del *Viaggio*, Darwin vibra un colpo alla barbarica tratta degli schiavi, allora diffusa nel doppio continente americano, con una delle affermazioni più acute che siano mai state fatte sull'uguaglianza dell'umanità: « Si è spesso tentato di scagionare la schiavitù paragonando le condizioni degli schiavi a quelle dei nostri contadini più poveri; ebbene, se lo stato di miseria dei nostri poveri non è dovuto

a leggi di natura, ma alle nostre istituzioni, la colpa è nostra ed è grave».[3]

Ma se gli esseri umani erano tutti membri della stessa specie, com'era possibile spiegare la sbalorditiva varietà nei colori, forma e grandezza degli individui appartenenti a varie popolazioni in tutto il mondo, e le differenze nelle loro culture? Dove aveva avuto origine la specie umana, e in che modo i nostri progenitori avevano compiuto le grandi migrazioni che li avevano portati in luoghi così remoti come Città del Capo, la Siberia e la Terra del Fuoco? Nessuno sarebbe stato in grado di rispondere a queste domande per altri 150 anni, e si sarebbe infine pervenuti alle risposte grazie ad alcuni polimorfismi attraverso le ossa, il sangue e il DNA.

... o molte?

Come possiamo definire una specie? La definizione accettata a partire dalla metà del Novecento è quella dell'interfecondità (reale o potenziale, nel caso di specie molto disperse): appartengono alla stessa specie individui e gruppi interfecondi. A Darwin, che scriveva prima dell'accettazione di questa definizione codificata, sembrava tuttavia che non ci fosse alcun dubbio sull'appartenenza di tutti gli esseri umani a un'unica specie. Il suo appello all'abolizione della schiavitù, al termine del *Viaggio di un naturalista intorno al mondo*, era assolutamente convinto, in quanto la schiavitù era stata recentemente messa fuori legge in Gran Bretagna, e la discussione ancora infuriava negli Stati Uniti e altrove. Molti altri avevano però assunto una posizione del tutto diversa, sostenendo con veemenza che l'umanità era chiaramente divisa in due specie o sottospecie distinte. L'appartenenza degli esseri umani a una sola specie era stata formalizzata per la prima volta all'inizio del Settecento da un botanico svedese, Carl von Linné (latinizzato in *Linnaeus*, it. Linneo), che si assunse il compito di classificare ogni organismo vivente sul pianeta.

Il compito era di una difficoltà estrema, ma Linneo se la cavò egregiamente. Fra le innovazioni da lui introdotte c'era l'uso di un sistema di nomenclatura binomio, costituito da un nome di genere e uno di specie, entrambi in latino, come in *Homo sapiens*, sistema che noi tutti conosciamo dal tempo della scuola e che è tutt'oggi in uso.

Pur riconoscendo che tutti gli esseri umani facevano parte della stessa specie, Linneo introdusse sottoclassificazioni aggiuntive per quelle che gli parvero razze, o sottospecie, dell'umanità. Egli suddivise il genere *Homo* in due specie: *Homo sapiens* e *Homo nocturnus* (lo scimpanzé). Quanto alla nostra specie fu da lui suddivisa nelle sottospecie *Homo sapiens afer* (africano), *americanus* (americano nativo), *asiaticus* (asiatico) ed *europaeus* (europeo), a cui si aggiungeva una quinta categoria, mal definita e vistosamente razzista, l'*Homo sapiens monstruosus*, comprendente, fra gli altri gruppi, i fuegini di Darwin. A Linneo parve che le differenze fra esseri umani fossero abbastanza grandi da giustificare questa classificazione in sottospecie.

Scienziato sempre obiettivo, Darwin ritenne che nella classificazione dell'umanità si fosse attribuita un'importanza eccessiva all'aspetto. Nell'*Origine dell'uomo*, scritta verso la fine della sua vita, osservò che: « Nel considerare il complesso delle differenze tra le razze dobbiamo tenere in debito conto la nostra sottile capacità di discriminazione raggiunta con una lunga abitudine a osservare noi stessi ».[4] Questa è una nozione importante, che ci aiuta a spiegare gran parte delle successive controversie sull'origine dell'uomo.

Nell'Ottocento i movimenti americani favorevoli alla tratta degli schiavi abbracciarono una forma estrema della visione linneiana. La concezione che le razze umane fossero effettivamente entità separate, intrinsecamente disuguali, rese più facile giustificare la brutale oppressione praticata negli Stati Uniti. La teoria che le razze umane siano entità distinte, create separatamente, è nota come poligenismo, parola greca che rimanda a « molte origini ». Questa teoria contraddiceva

chiaramente la storia biblica del Giardino dell'Eden, abitato da un solo Adamo e una sola Eva, e suscitò quindi le ire della Chiesa. Anche la maggior parte dei biologi obiettò alla concezione poligenistica, notando l'estesa ibridazione esistente fra le razze umane. Per i poligenisti tutte queste obiezioni avevano scarso fondamento, come dimostra l'esempio di Louis Agassiz, il nostro catastrofista svizzero. Secondo Stephen Jay Gould, Agassiz credeva che gli antichi autori della Bibbia non avessero avuto familiarità con tipi umani diversi, e che per tale motivo si fossero limitati a parlare di un solo Adamo mediterraneo. Agassiz pensava che dovessero essere esistiti anche un Adamo negroide, come pure uno mongolide, e presumibilmente anche uno americano.

Benché la maggior parte dei biologi non accetti questa concezione, essa è ancora presente in una certa letteratura antropologica. Ciò si deve in gran parte alla difficoltà di spiegare la diversità fisica negli esseri umani, oltre che certi dati della documentazione fossile. Il fautore forse più noto di questa concezione fu l'antropologo americano Carleton Coon, che negli anni '60 del Novecento pubblicò due libri che esercitarono una grande influenza: *The Origin of Races* e *The Living Races of Man*. In essi Coon propone la teoria che esistano cinque sottospecie umane distinte (australoide, capoide, caucasoide, congoide e mongoloide), che si sarebbero evolute *in situ* da forme ancestrali sino alla loro forma attuale. Coon suggerisce che le diverse sottospecie si siano evolute in tempi diversi, e che i congoidi africani siano apparsi per primi rimanendo poi intrappolati in un vicolo cieco evoluzionistico fino a oggi. Egli afferma che il dominio degli europei è una naturale conseguenza della superiorità genetica dovuta alla loro evoluzione, e fornisce sollievo a coloro che di notte rimangono svegli a preoccuparsi per le conseguenze che potrebbe avere una mescolanza delle razze:

La mescolanza delle razze potrebbe sconvolgere l'equilibrio genetico e sociale di un gruppo, cosicché i geni introdotti di recente in una

razza tendono a sparire o a ridursi a una percentuale minima, a meno che non forniscano un vantaggio selettivo rispetto alle loro controparti locali. Sto facendo queste affermazioni non con finalità politiche o sociali, ma semplicemente per mostrare che, se non fosse per i meccanismi citati sopra, gli uomini non sarebbero neri, bianchi, gialli o bruni.

Questa non era certo un'affermazione da prendere alla leggera, considerando che chi scriveva era il presidente dell'American Association of Physical Anthropology (la più grande e influente organizzazione antropologica del mondo), professore all'Università della Pennsylvania, curatore di etnologia del Museo dell'università e ospite fisso in un popolare programma televisivo americano.

È interessante che Coon si sia sforzato di prendere le distanze da motivazioni politiche. Lo fece perché l'antropologia fisica stava appena emergendo da un periodo buio in cui, in effetti, aveva avuto un'acuta coscienza politica di sé. Nella formulazione di uno dei suoi principali proponenti, Aleš Hrdlička, nel numero inaugurale dell'*American Journal of Physical Anthropology*, nel 1917, l'antropologia non doveva solo studiare l'umanità, ma anche servirla; essa non era, semplicemente, una scienza « pura ». Hrdlička ne sottolineò l'utilità nella formulazione di programmi di eugenica, oltre che nel determinare la politica dell'immigrazione. Benché il suo intento possa essere stato quello di tentare di impressionare gli enti di finanziamento con l'applicabilità di quella che molti consideravano una scienza piuttosto esoterica, era chiaro che alcuni stavano ascoltando molto attentamente, ed erano pronti a operare sulla base dei consigli di qualche antropologo pragmatico e politicamente astuto.

Fuori dalla torre d'avorio

L'antropologia si era sviluppata nell'Ottocento come « quella scienza che ha come proprio oggetto lo studio dell'umanità

nel suo insieme, nelle sue parti, e nella sua relazione col resto della natura ».

Si può riconoscere al francese Paul Broca – l'autore di questa definizione –, più che a qualsiasi altro, il merito di avere creato la moderna disciplina dell'antropologia fisica. Broca fu un esperto di craniometria, la misurazione delle minute differenze nella morfologia del cranio che si pensava indicassero una qualche potenzialità innata, e sviluppò una classificazione dettagliata dell'umanità fondata su queste sottili variazioni. I metodi di Broca, diffusi per mezzo di un manuale molto influente, galvanizzarono la comunità scientifica. Ben presto tutti si misero a misurare crani.

Uno fra i primi seguaci di Broca, in Inghilterra, fu lo scienziato dilettante Francis Galton. Galton aveva ereditato abbastanza denaro da poter finanziare vari campi di ricerca, fra cui la statistica e la biologia. Ben presto cominciò a misurare tutto il misurabile nel corpo umano, in uno sforzo di categorizzare scientificamente la diversità umana. Si potrebbe tranquillamente considerare tutto questo come l'attività più o meno dilettantistica di un eccentrico, se l'attrazione di Galton per la classificazione umana non si fosse mescolata con un fraintendimento della teoria della selezione naturale di Darwin per produrre una miscela esplosiva.

Come abbiamo già accennato, Darwin non era un razzista. Era soggetto a pregiudizi banali come qualsiasi altra persona, ma dalle sue poche affermazioni sull'argomento delle razze umane possiamo inferire che considerava l'umanità in gran parte equivalente come potenziale biologico. Non si può dire lo stesso per molti suoi seguaci. Fu per esempio il filosofo Herbert Spencer, e non Darwin, a coniare l'espressione « sopravvivenza del più adatto », servendosene poi per giustificare le divisioni sociali nella Gran Bretagna del tardo Ottocento in una serie di libri e saggi che ebbero molti lettori. Se le divisioni all'interno della società potevano essere spiegate dalla scienza, dovevano avere sicuramente una causa simile anche le differenze fra culture. Questo salto dalla con-

cezione del « diritto del più forte » alla convinzione che le differenze fra culture dovessero essere definibili usando metodi scientifici, combinato con l'ossessione vittoriana della classificazione, incoraggiò la crescita del movimento dell'eugenica o eugenetica.

Il movimento ebbe inizi abbastanza innocenti. Eugenica significa letteralmente « buona nascita » (chi potrebbe opporsi a una nozione del genere?) e, in una certa misura, è sempre esistita. La collezione delle antiche leggi ebraiche nota come *Talmud*, per esempio, raccomanda agli uomini di vendere tutte le loro proprietà per fare sposare la figlia con uno studioso, così che i suoi figli siano più intelligenti (e non è che gli studiosi dovessero spendere di meno per accasare le loro figlie). L'eugenica, però, decollò veramente solo alla fine dell'Ottocento. Le ragioni di questo fenomeno sono complesse, e hanno a che fare con le idee vittoriane di miglioramento della propria condizione, con l'interesse per nuovi campi scientifici, come la genetica, e con l'abbondanza di dati emergenti dall'antropologia fisica. Una volta che si mise in moto, però, non ci fu alcun modo per fermarla.

La Eugenics Education Society fu fondata in Gran Bretagna nel 1907, in onore di Galton. Il suo obiettivo dichiarato era quello di migliorare il patrimonio genetico dell'umanità attraverso l'interfecondazione selettiva di individui « adatti » (*fit*), ossia biologicamente migliori. La sua influenza si diffuse rapidamente negli Stati Uniti, dove la cultura era particolarmente ben predisposta verso teorie che promettessero il miglioramento di sé attraverso l'applicazione della conoscenza scientifica. Ben presto gare tra « famiglie più adatte » (*Fitter Families*) divennero comuni nelle fiere dei vari Stati americani, con famiglie che gareggiavano per la gloria e le medaglie che premiavano i « più adatti ». L'eugenica attecchì anche in tutt'Europa, dove un suo ceppo più fosco emerse nell'igiene razziale in Germania.

Anche se l'eugenica ebbe inizio come movimento mirante all'illuminazione sociale, i suoi obiettivi furono ben presto

corrotti, e fra il 1910 e il 1930 essa fu usata negli Stati Uniti come giustificazione scientifica per la sterilizzazione forzata di persone ritenute mentalmente subnormali. Essa fu alla base anche dell'ottusa applicazione dei test d'intelligenza razzisti e delle quote sull'immigrazione (negli anni '20 ci si attendeva che anche gli immigranti poverissimi dall'Europa orientale, la maggior parte dei quali erano analfabeti, sapessero leggere). Lo sterminio sistematico di ebrei, zingari, omosessuali e altri gruppi considerati inferiori praticato dai nazisti negli anni '40 ebbe la sua giustificazione scientifica nell'applicazione dei princìpi di eugenica. L'antropologia fisica era passata a una posizione di testa nella sua gara per dimostrarsi « utile ».

Non sorprende che Coon, a conoscenza dell'orribile verità sulle atrocità naziste, abbia compiuto un tale sforzo per prendere le distanze da fini politici. Persino nel clima segregazionistico dell'America dell'inizio degli anni '60, se avesse raccomandato un'azione politica fondata sui risultati dell'antropologia fisica, avrebbe riaperto vecchie ferite che stavano solo cominciando a rimarginarsi. Egli presentò invece il dato delle differenze razziali umane come un risultato scientifico obiettivo dell'osservazione del mondo. Non criticate il messaggero, sembrava dire, se non vi piace il messaggio. Ma l'affermazione che le sue conclusioni fossero fondate su una valutazione obiettiva dei dati d'osservazione era sbagliata, dato che nessuno aveva effettivamente verificato le sue ipotesi genetiche. Che cosa potevano dire i nostri geni sulle differenze razziali umane?

2
E PLURIBUS UNUM

> Quel che chiamiamo l'inizio è spesso la fine,
> e fare una fine è di nuovo fare un inizio.
> La fine è di dove partiamo.
>
> T.S. Eliot, *Little Gidding*,
> in *Quattro quartetti*, V, 1-3

Lo studio della diversità umana fu limitato, fino al XX secolo, alla variazione che si poteva osservare a occhio nudo. Argomento di innumerevoli studi di Broca, di Galton e dei biometristi, in Europa e in America, la variazione caratterizzò un'epoca di raccolta di dati antropologici: le prime fasi di un nuovo campo della ricerca scientifica, dove non c'era una teoria unificante con cui analizzare i dati raccolti. Nella massa crescente dei dati sulla variazione morfologica umana c'era un solo problema: non esisteva una corrispondenza semplice fra le leggi recentemente riscoperte della genetica di Gregor Mendel e i caratteri che venivano misurati. Benché nella morfologia umana ci sia certamente una componente genetica, è chiaro che la variabilità è controllata da decine – e probabilmente centinaia – di geni distinti. A tutt'oggi non sono ancora state decifrate le cause genetiche sottostanti. Consideriamo gli studi craniometrici di Broca: se una particolare bozza sul cranio si trova in due individui non legati da rapporti di parentela, essa rappresenta necessariamente un medesimo mutamento genetico? Le bozze sono davvero la stessa caratteristica, e quindi rappresentano un vero rapporto genetico, o si assomigliano solo superficialmente, per caso? È impossibile saperlo.

La variazione genetica ebbe un'importanza critica per lo

studio della diversità umana perché in effetti è proprio il mutamento genetico a produrre l'evoluzione. Al livello più basilare, l'evoluzione è semplicemente un cambiamento nella composizione genetica di una specie nel corso del tempo. Così, per stimare quanto siano stretti i rapporti di parentela fra le razze umane – e in particolare se esse formino o no una singola specie –, è importante conoscerne i geni. Se i geni sono gli stessi, le razze appartengono a un'unica specie. Ciò di cui l'antropologia fisica aveva un grande bisogno era una collezione di tratti variabili (noti come polimorfismi, dal greco « molte forme »), con uno schema semplice di trasmissione ereditaria. Tali caratteri variabili potevano essere usati per studiare la diversità umana al fine della classificazione. Erano già noti alcuni caratteri del genere, in particolare malattie come l'emofilia. Il problema, nel caso di polimorfismi patogeni, era semplicemente che erano troppo rari per essere di qualche utilità nella classificazione. Polimorfismi comuni, geneticamente semplici, potevano invece avere un'importanza critica.

Questo passo fu compiuto nel 1901, quando Karl Landsteiner, mescolando sangue di due persone non legate da vincoli di parentela, notò una reazione interessante: qualche volta il sangue si coagulava, formando grandi grumi. Questa reazione di coagulazione, che risultò essere ereditabile, costituì la prima dimostrazione di una diversità biochimica fra esseri umani viventi. Questo esperimento condusse alla definizione dei gruppi sanguigni umani, la quale sarebbe stata applicata ben presto alle trasfusioni in tutto il mondo. Se il vostro medico vi dice che il vostro sangue è del tipo A, ciò significa che appartiene al gruppo sanguigno definito con questa lettera da Landsteiner più di un secolo fa.

Prendendo l'avvio dall'intuizione di Landsteiner, il ricercatore di origine polacca Ludwik Hirszfeld, dell'Università di Zurigo, cominciò ad analizzare con l'aiuto della moglie Hanka il sangue dei soldati a Salonicco durante la Prima guerra mondiale. In una pubblicazione del 1919, essi rileva-

rono frequenze diverse dei gruppi sanguigni fra le varie nazionalità coinvolte nel conflitto, compilando il primo studio diretto della diversità genetica umana. Gli Hirszfeld formularono addirittura una teoria (accettata da alcuni fino a oggi) secondo la quale i gruppi sanguigni A e B rappresenterebbero le tracce di popolazioni « pure » di esseri umani aborigeni, composte ciascuna interamente di individui del tipo A o del tipo B. Queste razze pure si sarebbero in seguito mescolate attraverso migrazioni, dalle quali discenderebbe la complicata distribuzione dei gruppi A e B che si osserva nel loro studio. I due coniugi non riuscirono a spiegare in che modo potessero avere avuto origine le due razze, ma poiché si pensava che il gruppo A avesse avuto origine nell'Europa settentrionale, mentre il B era un marcatore meridionale che presentava la massima frequenza in India, sembrerebbero risultarne almeno due origini indipendenti per gli esseri umani moderni.

Negli anni '50 del Novecento un americano di nome Bryant e un inglese di nome Mourant, prendendo l'avvio dalle ricerche degli Hirszfeld, cominciarono ad analizzare campioni di sangue prelevati in tutto il mondo. Nel corso dei successivi trent'anni questi due uomini e i loro colleghi avrebbero esaminato migliaia di persone, sia viventi sia defunte, appartenenti a centinaia di popolazioni. Bryant e sua moglie (un'altra delle coppie attive, come gli Hirszfeld, nella genetica di popolazioni) si spinsero fino a esaminare mummie americane ed egizie, stabilendo che i polimorfismi AB0 sono molto antichi. Nel 1954 Mourant raccolse il *corpus* in rapida espansione dei dati sui gruppi sanguigni nel primo vasto compendio della diversità biochimica umana, *The Distribution of the Human Blood Groups*: un'opera fondamentale che divenne il testo standard della genetica sperimentale della popolazione umana nei successivi vent'anni. Quest'opera segnò l'inizio dell'epoca moderna della genetica umana.

Benché gli Hirszfeld fossero convinti che i loro dati sui gruppi sanguigni fornissero sostegno a una classificazione

razziale che era stata un po' oscurata da migrazioni recenti, e benché Carleton Coon li avesse in seguito usati a conferma delle sue teorie di sottospecie distinte, nessuno aveva in realtà sottoposto a test tali dati per verificare se ci fosse effettivamente qualche indicazione di suddivisioni razziali. Quest'ovvia analisi fu effettivamente compiuta nel 1972 da un genetista il cui interesse primario, abbastanza stranamente, andava non all'uomo bensì al moscerino della frutta (*Drosophila melanogaster*).

Usando i dati raccolti da Mourant e da altri, Richard Lewontin, allora professore all'Università di Chicago, eseguì uno studio apparentemente banale sul modo in cui la variazione genetica umana si divideva in componenti fra gruppi e all'interno di gruppi. La domanda a cui egli tentava di dare una risposta obiettiva era se nei dati genetici ci fosse qualche indicazione di una chiara distinzione fra razze umane. In altri termini, Lewontin stava sottoponendo direttamente a verifica le ipotesi di Linneo e di Coon sulle sottospecie umane. Se le razze umane avessero mostrato differenze significative nella distribuzione delle loro diversità genetiche, ne sarebbero state legittimate le posizioni di Linneo e di Coon. Lewontin descrive lo sviluppo della sua analisi:

> Scrissi il saggio in risposta a una richiesta [...] di fornire un articolo alla nuova rivista *Evolutionary Biology*. A quel tempo avevo riflettuto su misure della diversità [...] non nel contesto della genetica di popolazioni bensì in quello dell'ecologia. Dovevo fare un viaggio molto lungo in pullman fino a Bloomington nell'Indiana, e avevo preso da molto tempo l'abitudine, quando viaggiavo in treno o in pullman, di scrivere articoli. Dovendo scrivere questo articolo, portai con me in pullman una copia del Mourant e una tavola di p*ln*p [una tavola matematica usata per calcolare la misura della diversità].

Nel corso di tale viaggio in pullman, Lewontin iniziò quello che sarebbe diventato uno degli studi fondamentali nel campo della genetica umana. Nella sua analisi usò come proprio modello la nuova scienza della biogeografia (lo studio della

distribuzione geografica di animali e piante), perché pensava che fosse analoga allo studio che stava facendo sugli esseri umani: cercarne le suddivisioni geografiche per definirne le razze. In effetti, nell'incertezza su come si potesse definire una « razza » in modo obiettivo, divise gli esseri umani in gran parte lungo linee geografiche: caucasici (Eurasia occidentale), africani neri (Africa subsahariana), mongolidi (Asia orientale), aborigeni dell'Asia meridionale (India meridionale), amerindiani (doppio continente americano), oceaniani e aborigeni australiani.

Il risultato sorprendente da lui ottenuto fu che la maggioranza delle differenze genetiche presenti negli esseri umani – intorno all'85 per cento del totale – fu trovata non fra popolazioni bensì all'interno di popolazioni. Un altro 7 per cento fu utile per differenziare popolazioni all'interno di una « razza », come i greci dagli svedesi. Solo l'8 per cento poteva essere usato per distinguere fra razze diverse. La conclusione era sorprendente: ed era una chiara prova del fatto che la suddivisione in sottospecie non aveva alcun fondamento. Lewontin commenta così questo risultato:

> Onestamente, non avevo alcuna attesa precisa. Se avessi dovuto fare una previsione, avrei pensato probabilmente che la differenza fra razze fosse molto maggiore. Quest'orientamento era stato rinforzato in me dal fatto che, quando mia moglie e io eravamo a Luxor [in Egitto], vari anni prima che la città fosse invasa dai turisti, lei si trovò a discutere con un tizio nell'atrio dell'albergo. Egli stava parlando con lei come se la conoscesse. Lei continuava a dirgli: « Mi spiace, signore, ma lei mi ha scambiato con qualcun'altra ». Infine lui disse: « Ah, mi scusi signora, ma voi mi sembrate tutti uguali ». Quell'osservazione ebbe effettivamente un grande effetto sul mio pensiero; essi sono davvero diversi da noi, e noi siamo tutti uguali.

Ma il risultato era lì, nell'analisi statistica, ed è stato confermato da molti altri studi negli ultimi tre decenni. La piccola proporzione della variazione genetica che distingue le diverse popolazioni umane è stata discussa all'infinito (la variazione

è maggiore all'interno delle razze o fra una razza e l'altra?), ma rimane il fatto che una piccola popolazione di esseri umani conserva ancora l'85 per cento circa della diversità genetica totale che si trova nella nostra specie. A Lewontin piace fare l'esempio che, se dovesse scoppiare una guerra nucleare a livello planetario e se sopravvivessero solo i kikuyu del Kenya (o i tamil, o i balinesi...), quel gruppo conterrebbe ancora l'85 per cento della variazione genetica che si trova nella specie nel suo complesso. È un argomento forte contro le teorie « scientifiche » del razzismo, e un chiaro sostegno alla stima della diversità umana fatta da Darwin fra il 1830 e il 1840. Era davvero il caso di un'unità che emerge da una pluralità: *e pluribus unum*, come dice, in latino, il titolo di questo capitolo. Ciò significa forse che lo studio dei gruppi umani non ha senso? La genetica può dirci davvero qualcosa sulla diversità umana?

Le forze in gioco

Per poter passare alla prossima tappa nel nostro viaggio, dobbiamo prima illustrare una parte della genetica di popolazioni elementare. La teoria di come si comportano i geni in una popolazione nel corso del tempo è piuttosto complicata, e si serve di molte branche collegate della scienza quantitativa. Alla nostra comprensione della genetica di popolazioni hanno contribuito fra altre scienze la meccanica statistica, la teoria della probabilità e la biogeografia. Molte delle cornici teoriche, però, si fondano su alcuni concetti chiave comprensibili a tutti, riflettendo la relativa semplicità delle forze in gioco.

La forza più elementare è la mutazione, senza la quale il polimorfismo non esisterebbe. Per mutazione intendo un cambiamento casuale in una sequenza di DNA (questi cambiamenti avvengono al ritmo di circa trenta per genoma per generazione). Considerando la cosa in un altro modo, ogni

persona oggi in vita contiene nel proprio corredo genetico una trentina di mutazioni completamente nuove che la distingue dai suoi genitori. Le mutazioni sono casuali perché hanno origine come errori di copiatura durante il processo della divisione cellulare, senza alcun particolare senso o ragione: pare che il nostro genoma non favorisca determinati tipi di mutazioni in relazione all'effetto che potrebbe seguirne. Piuttosto, noi siamo costretti a usare le risorse che ci vengono fornite dalla lotteria delle mutazioni. Le varianti dei gruppi sanguigni scoperte da Landsteiner hanno avuto origine da mutazioni, come tutti i polimorfismi.

La seconda forza è nota come selezione, in particolare la selezione naturale. Questa è la forza individuata da Darwin, la quale ha svolto senza dubbio un ruolo critico nell'evoluzione dell'*Homo sapiens*. La selezione favorisce certi caratteri a danno di altri, conferendo un vantaggio riproduttivo a chi li possiede. Per esempio, nei climi freddi gli animali con un pelo fitto hanno un vantaggio su quelli senza pelo, e i loro discendenti hanno maggiori probabilità di sopravvivere. È stata certamente la selezione naturale a fare di noi quei primati senzienti e dotati di una cultura che siamo oggi. È stata la selezione a produrre alcune fra le nostre proprietà più importanti: la parola, la locomozione eretta e il pollice opponibile. Senza la selezione naturale noi saremmo ancora molto simili al nostro progenitore alquanto rozzo e scimmiesco in cui ci imbatteremmo se potessimo tornare indietro nel tempo di 5 milioni di anni.

La terza forza è nota come deriva genetica. Questo è un termine specialistico per indicare qualcosa di cui abbiamo un senso innato: la tendenza di piccoli campioni a riflettere una visione deviante della popolazione maggiore da cui derivano. Se si getta in aria una moneta 1000 volte, ci si attende di ottenere circa 500 volte testa e 500 volte croce. Se invece si getta la moneta solo 10 volte, è probabile che si ottenga un esito diverso da 5 a 5, per esempio 6 a 4 o 7 a 3. Questa fluttuazione casuale in un gruppo-campione è dovu-

ta al piccolo numero di eventi individuali presenti nel campione. Se pensiamo a gruppi di persone come a eventi geneticamente campionati, e supponiamo che la popolazione da cui abbiamo tratto il campione per la generazione *seguente* sia creata *ex novo* nella generazione presente (come nel caso di organismi viventi), possiamo renderci conto che le piccole dimensioni della popolazione possono condurre a mutamenti drastici nella frequenza dei geni in capo a solo poche generazioni. Nel caso dei nostri lanciatori di monete, un risultato di 7 a 3 si rifletterebbe nella possibilità di ottenere di nuovo quel numero nella generazione successiva, con una probabilità del 70 per cento di ottenere testa e un 30 per cento di avere croce. È come una ruota dentata in cui il cambiamento di probabilità nella generazione precedente influisce sulla probabilità nelle generazioni successive. Nell'analogia del lancio della moneta siamo passati da una frequenza del 50 per cento a una del 70 per cento in una singola generazione: un mutamento molto rapido. È chiaro che la deriva genetica può avere un grande effetto sulle frequenze dei geni nelle piccole popolazioni.

La combinazione di queste tre forze – mutazione, selezione naturale e deriva genetica – ha prodotto la grandissima varietà di tipi genetici che vediamo oggi, e la grande diversità che osserviamo nella popolazione umana. La loro azione ha prodotto anche la piccola percentuale di variazione che distingue i gruppi umani. Questo era quanto si conosceva alla metà del Novecento. Ma il semplice riconoscimento dell'esistenza della diversità umana a un livello biochimico e la conoscenza di qualcosa sul modo in cui i geni si comportano nelle popolazioni non dicevano molto in realtà sui dettagli dell'evoluzione e della migrazione umana. A questo punto entrò in scena un medico italiano con una forte inclinazione per la storia e con buone doti matematiche, che venne a lavorare nel campo della genetica influenzato da un modo nuovo di riflettere sui batteri e sui moscerini della frutta.

Il contributo italiano

Luigi Luca Cavalli Sforza aveva cominciato la sua carriera studiando medicina a Pavia. Ben presto lasciò questa scienza per dedicarsi a ricerche di genetica, prima sui batteri e poi sugli esseri umani. All'università aveva studiato col famoso genetista, studioso della *Drosophila*, Adriano Buzzati Traverso, che era un seguace della scuola di genetica di Dobzhansky. Theodosius Dobzhansky era stato anche supervisore di Richard Lewontin per la tesi di dottorato, cosicché la storia comincia mostrandoci un filo comune. Il tema principale della ricerca di Dobzhansky era lo studio della variazione genetica, in particolare di riorganizzazioni cromosomiche a grande scala nei moscerini della frutta. Dobzhansky fu un pioniere in certe tecniche dell'analisi genetica, e il suo laboratorio a New York sarebbe diventato l'epicentro di una rivoluzione in biologia alla metà del Novecento. Dobzhansky e i suoi allievi promossero una nuova visione della variazione genetica in cui non c'erano una divisione in un « tipo selvatico » ottimizzato (la forma normale dell'organismo, creata attraverso un lungo periodo di selezione naturale) e un « mutante » strambo, in qualche modo invariabilmente svantaggiato. Essi pensavano che questa fosse una visione troppo semplicistica, innanzitutto perché c'era troppa variazione da spiegare, nell'ipotesi che la maggior parte dei mutanti fosse portatrice di un corredo genetico subottimale. Se, invece, si pensava che la variazione fosse lo stato normale di una specie, allora l'evoluzione aveva d'improvviso molto più senso. In questo caso c'era una riserva precedentemente non riconosciuta di tipi diversi su cui l'evoluzione poteva agire, favorendone qualcuno in un caso, e sfavorendolo in un altro.

Così, avendo una formazione approfondita nei campi – apparentemente separati – della variazione nel moscerino della frutta e della medicina, Cavalli Sforza cominciò a condurre studi sui polimorfismi del sangue – chiamati in seguito dai genetisti polimorfismi « classici » – in un tentativo di va-

lutare i rapporti fra esseri umani moderni. Questa ricerca fu iniziata negli anni '50, un'epoca di grande slancio per la genetica. Crick e Watson avevano appena decifrato la struttura del DNA, e l'applicazione della metodologia delle scienze fisiche prometteva una rivoluzione in biologia. Come la maggior parte dei genetisti, Cavalli Sforza si servì della biochimica per stimare la variazione delle tecniche in rapida evoluzione. Diversamente da molti di loro, però, sapeva usare con disinvoltura le applicazioni della matematica, e in particolare della sua branca più pragmatica: la statistica. La strabiliante varietà di dati generati dagli studi sui polimorfismi aveva bisogno di una cornice teorica coerente per consentirne la comprensione. E la statistica era pronta a venire in aiuto.

Immaginiamo un gruppo di oggetti quali si vogliano: i diversi colori delle pietre nel letto di un corso d'acqua, la grandezza della conchiglia di varie chiocciole, la lunghezza delle ali del moscerino della frutta o i gruppi sanguigni umani. A prima vista queste variazioni sembrano casuali e prive di alcuna relazione fra loro. Se abbiamo vari insiemi di tali oggetti, la cosa sembra ancora più complicata, e persino caotica. Ma che cosa rivela tutto ciò sul meccanismo per mezzo del quale fu generata tale diversità?

La maggior parte dei biologi negli anni '50 del Novecento non aveva dubbi sul fatto che si doveva vedere nella selezione la causa principale di qualsiasi tipo di distribuzione della diversità esistente in natura. La diversità umana non faceva eccezione, sostennero gli eugenisti. Questa nozione derivava dalla fede diffusa in « tipi selvatici » e « mutanti ». Il tipo selvatico poteva abbracciare qualsiasi carattere: grandezza, colore, forma del naso o qualsiasi altro tratto « normale » dell'organismo. Questa convinzione era rafforzata dal fatto che le malattie genetiche (considerate ovviamente « anormali ») erano state una fra le prime varianti riconosciute nell'uomo, fissando la scena per una visione del mondo in cui gli individui venivano classificati come adatti (*fit*) o non adatti (*unfit*), in relazione a una lotta evoluzionistica darwiniana. Negli anni

'50, però, lo scienziato giapponese Motoo Kimura, che lavorava negli Stati Uniti, cominciò a fare qualche calcolo genetico formalizzando ricerche compiute da Cavalli Sforza e da altri; si servì in questo lavoro di metodi derivati in origine per analizzare la diffusione di gas. Egli avrebbe infine condotto in questo modo il campo della genetica fuori della palude dei « mutanti ».

Kimura notò che i polimorfismi genetici nelle popolazioni possono variare in frequenza a causa di errori di campionamento casuali: la « deriva » menzionata sopra. Quel che era eccitante nei suoi risultati era il fatto che la deriva sembrava cambiare le frequenze dei geni con un ritmo prevedibile. La difficoltà nello studio della selezione consisteva nel fatto che la *velocità* con cui essa produceva il mutamento evoluzionistico dipendeva completamente dall'*efficacia* della selezione: se la variante genetica risultava essere molto adatta (*fit*), aumentava rapidamente la sua frequenza. Era però virtualmente impossibile misurare sperimentalmente l'efficacia della selezione, cosicché nessuno poteva fare previsioni sulla rapidità del mutamento. Nel nostro esempio del lancio di una moneta, se l'uscita testa è una variante di un gene, e l'uscita croce è l'altra variante, l'aumento di frequenza da 50 a 70 per cento in una singola « generazione » implicherebbe una selezione molto forte a favore dell'uscita testa. È chiaro però che, nel nostro caso, non è così: l'uscita testa è passata dal 50 al 70 per cento per ragioni che non avevano nulla a che fare con la sua possibile qualità ai fini dell'adattamento.

Kimura intuì che la maggior parte dei polimorfismi si comporta in realtà in questo modo, che essi si formano indipendentemente dalla selezione e che possono quindi essere considerati evolutivamente « neutri », liberi di variare in frequenza semplicemente a causa di errori di campionamento. C'è stata una grande controversia fra i biologi sulla proporzione dei polimorfismi neutri: Kimura e i suoi seguaci pensavano che la variazione fosse quasi per intero indipendente dalla selezione, mentre molti scienziati continuano ad attri-

buire un ruolo importante alla selezione naturale. La maggior parte dei polimorfismi studiati dai genetisti umani ha raggiunto però probabilmente la sua frequenza attuale a causa della deriva. Si aprì così la porta a un nuovo modo di analizzare i dati in rapida accumulazione sui polimorfismi dei gruppi sanguigni. Prima però che ciò potesse accadere, il campo della genetica doveva compiere una rapida deviazione per il Medioevo.

Il rasoio di Occam

Guglielmo di Occam (William of Ockham, 1285-1349 ca.) fu un filosofo medievale che doveva essere un incubo per chi se lo trovava attorno. Egli credeva letteralmente all'affermazione di Aristotele che « Dio e la natura non operano mai in modo superfluo, ma sempre col minimo sforzo » e colse ogni occasione per invocare la sua interpretazione di questa concezione nelle discussioni con i colleghi. Il « rasoio di Occam », come divenne nota quest'argomentazione, fu formulato nel modo più semplice nella frase latina: « *Pluralitas non est ponenda sine necessitate* » (non si deve porre una pluralità senza necessità). Nella sua forma più basilare, la frase di Occam esprime un'adesione filosofica a una particolare visione dell'universo: una visione che è diventata nota come principio di economia (o di parsimonia o anche di semplicità). Nel mondo reale, se ogni evento si verifica con una determinata probabilità, una molteplicità di eventi si verifica con probabilità moltiplicate e, soprattutto, gli eventi complessi sono meno probabili di quelli semplici. Questo è un modo per scomporre la complessità del mondo in parti comprensibili, favorendo il semplice rispetto all'assurdo. Io potrei andare in aereo da Miami a New York passando per Shanghai, ma questa scelta non è molto probabile.

Quest'argomentazione può sembrare banale se la applichiamo al mio programma di viaggio, ma è molto meno ov-

via se cominciamo a usarla in relazione al mondo spesso tutt'altro che cristallino della scienza. Come possiamo sapere se la natura prende ogni volta effettivamente la via più economica? In particolare, è davvero evidente che « semplificare » è una parola d'ordine della scienza? Questo libro non è la sede adatta per una discussione dettagliata della storia del principio d'economia (nella bibliografia rimando ad alcune opere in cui l'argomento è trattato in modo più dettagliato), ma pare che di solito la natura prediliga davvero la semplicità a danno della complessità. Ciò vale specialmente nel caso di cambiamenti, come quando un sasso cade da una parete rocciosa nella valle sottostante. È chiaro che la gravità si esercita in modo tale che la pietra si muova direttamente – e in modo piuttosto rapido – dall'alto al basso, senza fermarsi a prendere un tè in Cina.

Così, se accettiamo la tesi che la natura, quando cambia, tenda a farlo percorrendo la via più breve fra A e B, abbiamo una teoria per fare inferenze sul passato. Questo è un bel salto, in quanto implica che, osservando oggi, noi possiamo dire qualcosa su ciò che è accaduto in tempi remoti. Questo metodo ci fornisce in effetti una macchina del tempo filosofica con cui viaggiare nel passato e compiere scavi in un'epoca scomparsa. Una cosa davvero impressionante. Lo stesso Darwin fu un fautore di questa teoria; in un'occasione, Huxley addirittura lo criticò per essere così antiquato nell'aderire alla convinzione che *natura non facit saltus* (la natura non fa salti).

La prima applicazione del principio di economia alla classificazione umana fu pubblicata da Luca Cavalli Sforza e da Anthony Edwards nel 1964.[1] Essi si servirono di due assunti fondamentali che sarebbero stati adottati in ogni studio successivo della diversità genetica umana. Il primo era che i polimorfismi genetici si comportassero nel modo predetto da Kimura: in altri termini, che fossero tutti neutri, e che quindi ogni differenza nella frequenza fosse dovuta alla sola deriva genetica; il secondo era che il rapporto corretto fra popo-

lazioni dovesse conformarsi alla regola di Occam, minimizzando la quantità di mutamento richiesto per spiegare i dati. Applicando queste nozioni chiave, essi derivarono il primo albero genealogico dei gruppi umani fondato su quello che chiamarono il metodo della « minima evoluzione ». Ciò significa che le popolazioni sono connesse in un diagramma tale che quelle che presentano le frequenze geniche più simili sono quelle genealogicamente più vicine, e che in generale il rapporto fra i gruppi minimizza la grandezza totale delle differenze nelle frequenze geniche.

Cavalli Sforza e Edwards studiarono le frequenze dei gruppi sanguigni in quindici popolazioni di varie regioni del mondo. Il risultato di quest'analisi (laboriosamente calcolato da uno dei primi computer della Olivetti) fu che gli africani erano i più lontani fra le popolazioni esaminate, mentre le popolazioni europee e asiatiche si raggruppavano più strettamente insieme. Ne emergeva una nozione sorprendentemente chiara della storia evoluzionistica della nostra specie. Come dice modestamente Cavalli Sforza, il risultato di quell'analisi « aveva un qualche senso », fondato sul loro concetto del tipo di rapporti che dovevano esistere fra le popolazioni umane: le popolazioni europee erano più vicine fra loro di quanto non fossero a quelle dell'Africa, della Nuova Guinea e dell'Australia raggruppate insieme, e così via. Le loro conclusioni riflettevano le somiglianze nelle frequenze dei geni, e poiché queste frequenze cambiavano con regolarità nel corso del tempo (si ricordi la deriva genetica), ne conseguiva che il tempo trascorso da quando gli europei avevano cominciato a divergere fra loro era minore di quello che separava gli europei dagli africani. Il vecchio frate francescano iniziatore della « via moderna » si era rivelato utile dopo quasi 700 anni, e l'antropologia aveva finalmente trovato un modo per fare dei passi avanti.[2]

Con questo nuovo approccio alla classificazione umana divenne possibile addirittura calcolare le date delle separazioni di popolazioni, facendo vari assunti sul modo in cui gli

esseri umani si erano comportati in passato, e sulla grandezza dei gruppi in cui vivevano. Questo compito fu affrontato per la prima volta nel 1971 da Cavalli Sforza e dal suo collega Walter Bodmer, i cui calcoli fornirono le date di 41.000 anni fa per la divergenza tra gli africani e le popolazioni dell'Asia orientale, di 33.000 anni fa per la separazione tra gli africani e gli europei, e di 21.000 anni fa per quella tra gli europei e gli asiatici dell'Estremo Oriente. La difficoltà consisteva nell'impossibilità di valutare quanto fossero ragionevoli i loro assunti sulla struttura delle popolazioni. Cosa cruciale, inoltre, mancava ancora la possibilità di rispondere con chiarezza alla domanda sulla patria d'origine dell'uomo. Ciò di cui aveva ora bisogno questo campo era un nuovo genere di dati.

Un brodo di alfabeti

Emile Zuckerkandl era un ebreo tedesco immigrato negli Stati Uniti che lavorava al California Institute of Technology di Pasadena. Per gran parte della sua carriera scientifica fu tenacemente concentrato su un problema: la determinazione della struttura delle proteine. Lavorando negli anni '50 e '60 insieme al biochimico Linus Pauling, vincitore nel 1954 del premio Nobel per la chimica, studiò la struttura base dell'emoglobina: la molecola che trasporta l'ossigeno in tutto il corpo, scelta per la sua grande disponibilità e per la grande facilità con cui la si può depurare. L'emoglobina ha un'altra caratteristica importante: si trova nel sangue di tutti i mammiferi.

Le proteine sono formate da una sequenza lineare di amminoacidi, piccoli mattoni molecolari che si combinano in un modo unico per formare ogni particolare proteina. La cosa sorprendente nelle proteine è che, benché esse compiano il loro lavoro attorte in forme barocche, spesso con varie altre proteine fissate a esse in un modo complesso, forma e fun-

zione ultime della proteina attiva sono determinate da una semplice combinazione lineare di amminoacidi. Gli amminoacidi usati dalla natura per formare le proteine sono venti. Essi hanno nomi come lisina e triptofano, che i chimici abbreviano in codici formati da una singola lettera, in questo caso rispettivamente K e Y.

Zuckerkandl notò in queste sequenze di amminoacidi un'interessante regolarità. Quando cominciò a decifrare le emoglobine di diversi animali trovò che erano simili. Spesso avevano sequenze identiche di dieci, venti o addirittura trenta amminoacidi in fila, prima che si trovasse una differenza fra loro. La cosa affascinante era che le emoglobine di due animali erano tanto più simili quanto più strettamente essi erano imparentati. Uomo e gorilla avevano sequenze dell'emoglobina virtualmente identiche, che differivano solo in due luoghi, mentre uomo e cavallo differivano in quindici amminoacidi. Questo fatto suggerì a Zuckerkandl e a Pauling che tali molecole potevano essere usate come una sorta di orologio molecolare, documentando il tempo che era trascorso a partire da un progenitore comune attraverso il numero dei cambiamenti di amminoacidi. In un articolo pubblicato nel 1965 essi definirono quelle molecole « documenti della storia evolutiva ». In effetti noi tutti abbiamo un libro di storia scritto nei nostri geni. Secondo Zuckerkandl e Pauling, il testo scritto in una struttura molecolare può darci addirittura un'idea del progenitore stesso, attraverso l'uso del rasoio di Occam per minimizzare il numero dei cambiamenti di amminoacidi inferiti e risalire al probabile punto di partenza (vedi figura 1). Le molecole sono, in effetti, capsule del tempo lasciate nel nostro genoma dai nostri progenitori. Tutto quello che dobbiamo fare è imparare a leggerle.

Zuckerkandl e Pauling si resero ovviamente conto che le proteine non sono la fonte ultima della variazione genetica. Quest'onore spetta al DNA, la molecola che forma in realtà i nostri geni. Se il DNA codifica proteine (cosa che effettivamente fa), la molecola migliore da studiare doveva essere il

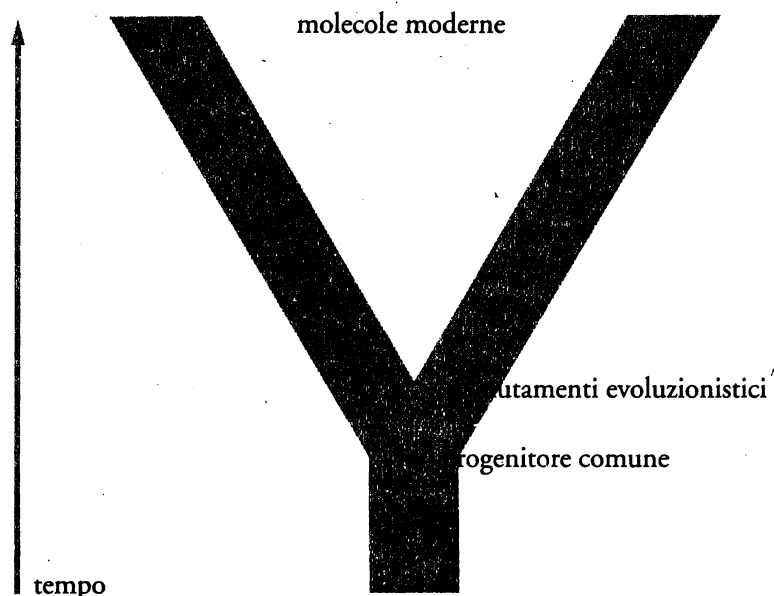



Figura 1. La « genealogia » evoluzionistica di due molecole imparentate. La figura indica con pallini i mutamenti di sequenza verificatisi nel corso del tempo.

DNA stesso. La difficoltà consisteva nel fatto che era estremamente difficile lavorare col DNA, e che la sua sequenziazione (la determinazione della sua sequenza) richiedeva molto tempo. Intorno al 1975, però, Walter Gilbert e Fred Sanger svilupparono indipendentemente metodi per ottenere rapidamente sequenze di DNA, per i quali condivisero nel 1977 il premio Nobel. La capacità di sequenziare il DNA diede origine a una rivoluzione in biologia che è proseguita fino a oggi, culminando nel 2000 nel completamento di un abbozzo provvisorio della sequenza dell'intero genoma umano. Le ricerche sul DNA hanno rivoluzionato il modo in cui noi riflettiamo sulla biologia, cosicché non sorprende che abbiano avuto un effetto importante anche sull'antropologia.

Il giardino affollato

Negli anni '80 i ricercatori si trovarono dunque a disporre dei nuovi strumenti recentemente sviluppati dalla biologia molecolare, di una teoria sul modo in cui i polimorfismi si comportano in una popolazione, di un modo per stimare date a partire da informazioni sulla sequenza molecolare; rimaneva la spinosa domanda di come la genetica possa rispondere ad alcune antiche domande sull'origine dell'uomo. Ciò di cui questo campo di ricerca aveva ora bisogno era di un'intuizione fortunata e di un po' di sfrontatezza. Entrambe queste cose si sarebbero trovate all'inizio degli anni '80 nella baia di San Francisco, nella California settentrionale.

Allan Wilson era un biochimico australiano che lavorava all'Università della California a Berkeley; egli studiava l'evoluzione umana con metodi di analisi che utilizzavano la biologia molecolare, la nuova branca della biologia che concentrava la sua attenzione sul DNA e sulle proteine. Seguendo i metodi di Zuckerkandl e di Pauling, lui e i suoi studenti avevano usato tecniche molecolari per stimare la data della separazione fra l'uomo e le scimmie antropomorfe, decifrando inoltre alcuni dei complessi dettagli del modo in cui la selezione naturale può adattare le proteine al loro ambiente. Wilson era un pensatore innovativo, e abbracciò con passione le tecniche della biologia molecolare.

Uno dei problemi in cui i biologi molecolari si imbatterono nello studio delle sequenze del DNA fu quello della natura duplicata dell'informazione. Quello che noi pensiamo come il nostro genoma – la completa sequenza di DNA che codifica tutte le proteine prodotte nel nostro corpo, oltre a una quantità di altro DNA che non ha una funzione nota – è in effetti presente in ognuna delle nostre cellule in due copie. Il DNA è disposto in componenti lineari distinti, noti come cromosomi (il nostro organismo ne contiene ventitré coppie). I cromosomi si trovano all'interno di una struttura della cellula nota come il nucleo. Uno fra i caratteri principali

del nostro genoma è la sua sorprendente suddivisione in comparti distinti: come cartelle di computer all'interno di altre cartelle contenute in altre cartelle ancora. Il genoma umano comprende complessivamente tre miliardi di elementi, noti come nucleotidi, i quali si presentano in quattro tipi: A (adenina), C (citosina), G (guanina) e T (timina), e noi abbiamo bisogno di poter accedere in modo semplice all'informazione in essi contenuta. Ecco perché abbiamo i cromosomi, e perché essi vengono tenuti separati dal resto della cellula all'interno del nucleo.

La ragione per cui abbiamo due copie di ogni cromosoma è più complicata ma si riduce al sesso. Quando uno spermatozoo feconda un uovo, una fra le cose principali che accadono è che parte del genoma paterno e parte del genoma materno si combinano in un rapporto di 50 a 50 per formare il nuovo genoma del figlio. Biologicamente parlando, una delle funzioni del sesso è quella di produrre nuovi genomi a ogni generazione. Le nuove combinazioni si producono non solo al momento del concepimento, quando il 50 per cento del genoma materno si mischia con la stessa percentuale di quello paterno, ma anche in precedenza, quando si formano lo spermatozoo e l'uovo. Questa mescolanza presessuale, nota come ricombinazione genetica, è possibile a causa della natura lineare dei cromosomi: è relativamente facile rompere nel mezzo entrambi i cromosomi e riattaccare ogni metà a quella complementare dell'altro cromosoma, formando in tal modo nuovi cromosomi chimerici. La ragione per cui ciò avviene, come nel caso della mescolanza del DNA dei due genitori, è che, evoluzionisticamente parlando, è probabilmente una buona cosa generare diversità a ogni generazione. Nel caso di cambiamenti ambientali, sarebbe più facile reagire a essi.

Ma, un momento, potreste dire: perché questi cromosomi rotti e riattaccati sono diversi da quelli che esistevano prima? In fondo dovrebbero essere solo dei duplicati! La ragione, semplicemente, è che essi non sono copie esatte l'uno dell'al-

tro, ma differiscono in molti punti nella loro lunghezza. Essi sono duplicati di duplicati di duplicati di duplicati, fatti con una macchina fotocopiatrice insicura che introduce un piccolo numero di errori casuali ogni volta che si copiano i cromosomi. Questi errori sono le mutazioni, e le differenze riscontrate fra i due cromosomi di una coppia sono i polimorfismi. Questi sono grosso modo uno ogni mille nucleotidi lungo il cromosoma, e servono a distinguere i cromosomi l'uno dall'altro. Perciò, quando si verifica la ricombinazione, i nuovi cromosomi sono diversi dai tipi parentali.

L'effetto della ricombinazione genetica, ai fini dell'evoluzione degli organismi, è quello di rompere gli insiemi di polimorfismi connessi fra loro su uno stesso pezzo di DNA. Anche questo meccanismo generatore di diversità è, evoluzionisticamente parlando, una buona cosa, ma rende molto difficile la vita ai biologi molecolari che vogliono leggere la storia del genoma umano. La ricombinazione genetica permette a ogni polimorfismo presente su un cromosoma di comportarsi indipendentemente dagli altri. Nel corso del tempo i polimorfismi vengono ricombinati molte volte, e dopo centinaia o migliaia di generazioni la distribuzione di polimorfismi esistente nel progenitore comune dei cromosomi è andata totalmente perduta. I cromosomi discendenti sono stati completamente rimescolati, e non rimane più alcuna traccia del mazzo originario. La ragione per cui questo fatto è negativo per gli studi evoluzionistici è che, non potendo dir nulla sul progenitore, non possiamo applicare il rasoio di Occam ai polimorfismi, e perciò non abbiamo alcuna idea di quanti cambiamenti distinguano effettivamente i cromosomi rimescolati. Attualmente tutte le nostre stime degli orologi molecolari si fondano sul ritmo con cui appaiono nuovi polimorfismi a opera delle mutazioni. La ricombinazione può darci la sensazione che ci siano state mutazioni che in realtà non ci sono state, e questo fatto ci conduce a formulare stime eccessive del tempo trascorso dal nostro comune progenitore a oggi.

All'inizio degli anni '80 del Novecento Wilson e vari altri genetisti ebbero, fra le altre, un'intuizione importante per aggirare questa difficoltà: essi scoprirono che un organulo detto mitocondrio, all'interno della cellula ma fuori del genoma, può fornirci un modo per non farci ingannare dal rimescolamento. La cosa interessante è che il mitocondrio ha un proprio genoma: esso è l'unica struttura cellulare oltre al nucleo ad averlo. Ciò dipende dal fatto che esso è in realtà un residuo evolutivo del tempo delle prime cellule complesse, esistite miliardi di anni fa: il mitocondrio è quanto rimane oggi di un antico batterio che fu inglobato da uno dei nostri progenitori unicellulari. Esso risultò successivamente utile grazie alla sua capacità di produrre energia all'interno della cellula, e oggi svolge la funzione di efficiente centrale elettrica subcellulare, anche se in origine era semplicemente un parassita. Per fortuna il genoma mitocondriale è presente in una sola copia (come il genoma batterico), cosicché non può ricombinarsi. Risulta anche che, anziché avere un polimorfismo ogni 1000 nucleotidi circa, ne ha uno ogni 100 nucleotidi circa. Per compiere confronti utili ai fini dello studio dell'evoluzione dobbiamo avere il maggior numero possibile di polimorfismi, dato che ogni polimorfismo in più accresce la nostra capacità di distinguere fra individui. Consideriamo la cosa in questo modo: se dovessimo esaminare un solo polimorfismo, con due forme diverse A e B, le suddivideremmo tutte in due gruppi, definiti dall'unica variante A o B. Se invece esaminassimo dieci polimorfismi con due varianti ciascuno, avremmo una risoluzione molto migliore, poiché la probabilità di trovare molti individui con lo stesso insieme esatto di varianti sarebbe molto minore. In altri termini, quanti più polimorfismi abbiamo, tanto migliori saranno le nostre probabilità di inferire una regolarità utile di relazioni fra gli individui studiati. Poiché nel DNA mitocondriale (mtDNA) i polimorfismi sono dieci volte più comuni che nel resto del nostro genoma, esso era un buon posto in cui guardare.

La ricercatrice Rebecca Cann, in preparazione della sua tesi di dottorato nel laboratorio di Wilson, cominciò a studiare i modi di variazione del DNA mitocondriale negli esseri umani di tutto il mondo. Il gruppo di Berkeley si impegnò molto nella raccolta di campioni di placente umane (una fonte abbondante di DNA mitocondriale) da molte popolazioni diverse: europei, abitanti della Nuova Guinea, amerindiani e via dicendo. L'obiettivo era quello di stimare il modo di variazione per l'intera specie umana, al fine di inferirne qualcosa sull'origine dell'uomo. Quel che i ricercatori trovarono fu straordinario.

La Cann e i suoi colleghi pubblicarono il loro primo studio sulla diversità mitocondriale umana nel 1987. Era la prima volta che si analizzavano dati sui polimorfismi del DNA umano, usando metodi fondati sul principio di economia, per inferirne un progenitore comune e stimare una data. Nel sommario dell'articolo essi esposero la principale scoperta in modo chiaro e succinto: « Tutti questi DNA mitocondriali derivano da una donna che si postula sia vissuta intorno a 200.000 anni fa, probabilmente in Africa ». La scoperta fece sensazione, e questa donna divenne nota nei giornali popolari come la « Eva mitocondriale »: la madre di tutti noi. In uno sviluppo piuttosto imprevisto, però, risultò che essa non era l'unica Eva nel giardino, ma solo quella più fortunata.

L'analisi eseguita da Rebecca Cann e dai suoi colleghi implicava che ci si domandasse in che modo le sequenze del DNA mitocondriale fossero connesse l'una all'altra. Essi supposero che, se due sequenze di DNA mitocondriale condividevano una sequenza variante in un sito polimorfico (per esempio una C in una posizione in cui le sequenze avevano una C o una T), dovevano avere anche un progenitore comune. Costruendo una rete delle sequenze del DNA mitocondriale – 147 in tutto –, essi furono in grado di inferirne le relazioni fra gli individui che avevano donato i campioni. Il lavoro fu tedioso, e comportò un tempo piuttosto lungo per l'analisi dei dati su un computer. I risultati ottenuti

dal gruppo della Cann mostrarono che la massima divergenza fra sequenze di DNA mitocondriale si trovava tra gli africani, dimostrando che essi si erano ramificati più volte nel corso di epoche molto lunghe. In altri termini, gli africani sono il gruppo più antico sul pianeta, il che significa che la nostra specie ha avuto origine in Africa.

Uno dei caratteri dell'analisi del DNA mitocondriale, fondata sul principio di economia, compiuta dalla Cann, da Stoneking e da Wilson, è quello di condurre inevitabilmente a un singolo progenitore comune in un qualche momento del passato. Per qualsiasi regione del genoma mitocondriale che non si ricombina possiamo definire un singolo mitocondrio ancestrale da cui sono discesi tutti i mitocondri attuali.

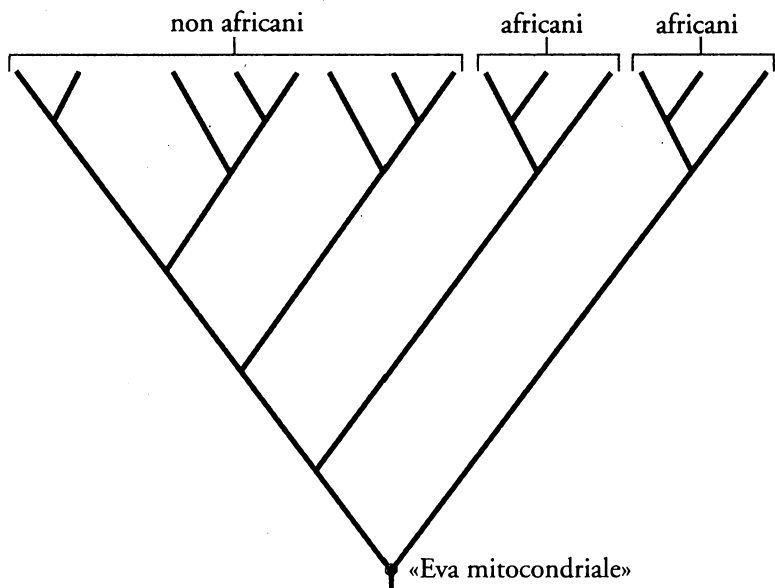



Figura 2. Gli esseri umani hanno avuto origine in Africa. Lo dimostra la ramificazione più bassa nella genealogia del DNA mitocondriale. La separazione più antica è fra sequenze di mtDNA di africani, dimostrando che sono state queste popolazioni ad accumulare mutamenti evoluzionistici per più lungo tempo.

È come guardare un cerchio di onde che si espandono in uno stagno e inferirne dove dev'essere caduta la pietra: nel centro in quiete del cerchio. Le sequenze in evoluzione del DNA mitocondriale, accumulando i polimorfismi di madre in figlia, sono le onde che si espandono, e la progenitrice si trova nel punto in cui la pietra è entrata nell'acqua. Applicando i metodi di analisi di Zuckerkandl e di Pauling, possiamo «vedere» la singola progenitrice che è vissuta migliaia di anni fa, e che è mutata nel corso del tempo producendo tutte le forme diverse che esistono oggi. Inoltre, se conosciamo il ritmo a cui hanno luogo le mutazioni, e sappiamo quanti polimorfismi ci sono prendendo un campione della diversità umana in tutto il mondo, possiamo calcolare quanti anni sono trascorsi dal momento in cui l'acqua è caduta nello stagno: in altri termini, quanti anni ci dividono dalla progenitrice dalla quale devono aver tratto origine tutti i discendenti mutati.

Il fatto che una singola progenitrice abbia dato origine all'intera diversità oggi esistente non significa però che essa fosse l'unica persona vivente a quel tempo, ma solo che le linee evolutive delle altre persone allora in vita si sono estinte. Immaginiamo un villaggio provenzale del Settecento in cui vivessero dieci famiglie. Ogni famiglia ha la propria ricetta speciale per la *bouillabaisse*, la quale può essere trasmessa solo oralmente di madre in figlia. Se una famiglia ha solo figli, la ricetta va perduta. Nel corso del tempo il numero delle ricette si riduce gradualmente, perché alcune famiglie non hanno avuto la fortuna di avere figlie. Arrivando al nostro secolo, in quel villaggio sopravvive una sola ricetta: la *bouillabaisse profonda*. Perché proprio quella? Per puro caso: in un qualche periodo del passato le altre famiglie non ebbero semplicemente figlie, e la loro ricetta fu spazzata via dal maestrale. Se consideriamo il villaggio oggi, potremmo essere un po' delusi per la sua scarsa diversità culinaria. Come potevano mangiare tutti la stessa zuppa di pesce?

Ovviamente, nel mondo reale nessuno trasmette una ri-

cetta da una generazione all'altra senza modificarla leggermente per adattarla ai propri gusti. Un po' più di chiodo di garofano, un po' più di timo, e *voilà!*, una variazione su misura sul tema del *matrimonio*. Nel corso del tempo, queste variazioni su un tema produrranno la loro diversità nella zuppa di pesce, ma nondimeno l'estinzione delle ricette continua. Se consideriamo il villaggio oggi, vi troviamo una varietà notevole di ricette, ma grazie al rasoio di Occam esse possono *ancora* essere ricondotte a una singola progenitrice comune nel Settecento. È questo il segreto della Eva mitocondriale.

I risultati dello studio del 1987 di Rebecca Cann e dei suoi colleghi furono seguiti qualche anno dopo da un'analisi più dettagliata, ed entrambi gli studi sottolinearono due fatti importanti: che la diversità mitocondriale umana è stata generata nel corso degli ultimi 200.000 anni, e che il sasso è caduto nello stagno in Africa. Così, nel corso di un periodo di tempo molto breve – almeno in termini evoluzionistici –, gli esseri umani si sono diffusi dall'Africa, andando a popolare il resto del mondo. Qualcuno sollevò obiezioni tecniche all'analisi statistica compiuta nei due articoli, ma studi recenti più estesi del DNA mitocondriale hanno confermato le conclusioni dell'analisi originaria. Noi tutti abbiamo una bis-bis... bisnonna africana, vissuta approssimativamente 150.000 anni fa.

Nel libro del 1871 sull'evoluzione umana, *L'origine dell'uomo e la selezione sessuale*, Darwin aveva notato che «in ogni grande regione del mondo i mammiferi viventi sono in stretta relazione con le specie estinte della stessa regione. È quindi probabile che l'Africa fosse inizialmente abitata da scimmie estinte, strettamente affini al gorilla e allo scimpanzé. Poiché queste due specie sono ora le più vicine all'uomo, è alquanto più probabile che i nostri primi progenitori abitassero sul continente africano che altrove».[3] Sotto qualche aspetto quest'affermazione è incredibilmente lungimirante, dato che la maggior parte degli europei dell'Ottocento

avrebbero situato Adamo ed Eva in Europa o in Asia. Sotto altri aspetti è invece piuttosto banale dal momento che le scimmie antropomorfe hanno avuto origine in Africa intorno a 23 milioni di anni fa, cosicché risalendo abbastanza lontano nel passato saremmo infine destinati a trovare i nostri progenitori in tale continente. La chiave di tutto questo sta nel determinare una data: è per questo che i risultati della genetica furono così rivoluzionari.

Antropologi come Carleton Coon hanno sostenuto che le razze umane hanno avuto origine, attraverso un processo di eventi di speciazione separata, da progenitori simili a scimmie in molte parti del mondo. Questa ipotesi divenne nota come multiregionalismo, e persiste ancora oggi in certi ambienti antropologici. L'idea fondamentale è che gruppi di antichi ominidi, o preominidi, siano emigrati dall'Africa nel corso degli ultimi due milioni di anni circa, stabilendosi molto presto nell'Asia orientale, dove avrebbero dato origine, per evoluzione, a uomini di tipo moderno: nel corso di questo processo essi avrebbero creato le razze identificate da Coon. Per capire perché questa teoria abbia trovato così ampia accettazione, dobbiamo lasciare da parte per il momento il DNA e andare a frugare fra le antiche ossa.

Coraggio olandese

Linneo battezzò la nostra specie *Homo sapiens* con riferimento allo sviluppo eccezionale del nostro cervello. Fin dall'Ottocento, però, sappiamo che in passato esistettero anche altre specie di ominidi. Nel 1856, per esempio, nella valle del Neander, nei pressi di Düsseldorf, fu trovato uno strano cranio. Nell'Europa predarwiniana si pensò in origine che quelle ossa fossero i resti di un essere umano moderno malformato, ma in seguito si accertò che si trattava di una specie umana ancestrale, diffusa e distinta, che venne chiamata *Homo neanderthalensis* (uomo di Neandertal), dal luogo del suo ri-

trovamento. Questo fu il primo riconoscimento scientifico di un antico ominide e fornì una prova concreta che la discendenza degli ominidi si era evoluta nel corso del tempo. Alla fine dell'Ottocento si organizzò la ricerca di altri « anelli mancanti » fra l'uomo moderno e le scimmie. E nel 1890 un medico che lavorava per la Compagnia delle Indie Orientali a Giava fece centro.

Eugène Dubois era ossessionato dal problema dell'evoluzione dell'uomo, e la sua decisione di recarsi in Oriente come medico della Compagnia delle Indie rientrava in un piano complesso per avvicinarsi a quella che considerava la culla dell'umanità. Nato nel 1858 a Eijsden, in Olanda, Dubois studiò medicina specializzandosi in anatomia. Nominato nel 1881 assistente all'Università di Amsterdam, trovò la vita accademica troppo limitante e gerarchica. Nel 1887, perciò, raccolse le sue cose e convinse la moglie a partire con lui per intraprendere insieme una ricerca di resti di ominidi.

Dubois credeva che l'uomo avesse rapporti di parentela particolarmente stretti con il gibbone, una specie di scimmie antropomorfe che si trova solo nell'arcipelago indo-malese. Questa convinzione era legata alla morfologia del cranio del gibbone (caratterizzato dall'assenza di una massiccia cresta sagittale e da una faccia più piatta di quella delle altre scimmie), e al fatto che a volte esso cammina eretto sugli arti posteriori: due caratteri che Dubois considerava ragionevoli per cercare l'anello mancante nell'Asia sudorientale. I suoi primi scavi a Sumatra fornirono solo i resti relativamente recenti di esseri umani moderni, di orang-utan e di gibboni, ma quando egli rivolse la sua attenzione a Giava la situazione mutò decisamente in meglio.

Nel 1890 Dubois stava setacciando i fossili recuperati sulla riva di un fiume a Trinil, nel centro di Giava, quando trovò una calotta cranica piuttosto strana. Essa gli richiamò alla mente l'anatomia cranica di uno scimpanzé estinto, noto come *Anthropopithecus*, anche se non era facile esserne certi senza confrontare quei resti con una buona collezione anatomica

di riferimento (dopotutto, Dubois si trovava in una colonia remota). L'anno seguente, però, un femore trovato in quello stesso luogo gli fece apparire quell'esemplare in una luce del tutto nuova. Il femore non apparteneva sicuramente a una scimmia capace di arrampicarsi sugli alberi, come lo scimpanzé, bensì a una specie che camminava eretta. I calcoli della capacità cranica, o del volume del cervello, di questo essere, in combinazione con la stazione eretta, condussero Dubois a compiere un audace passo avanti. Egli chiamò la nuova specie *Pithecanthropus erectus*, ossia uomo-scimmia eretto. Era l'anello mancante che era stato fino allora cercato invano.

La principale obiezione alla scoperta di Dubois – combattuta nel decennio seguente in dibattiti pubblici e in critiche a stampa formulate con molta circospezione – era che non c'erano prove che cranio e femore (e un dente trovato successivamente nello stesso sito) fossero effettivamente appartenuti allo stesso individuo. Quei resti erano stati scavati in tempi diversi, e non si sapeva quale rapporto ci fosse fra gli strati del suolo da cui erano stati estratti. Ritrovamenti posteriori di resti del pitecantropo rivelarono che il femore di Trinil è anomalo, e pare probabile che appartenga in realtà a un essere umano molto più moderno. Quanto al dente, potrebbe essere appartenuto a una scimmia. Tuttavia, nonostante l'infondatezza dell'affermazione di Dubois che quei resti dimostrassero l'origine dell'uomo moderno nell'Asia sudorientale, da progenitori simili a gibboni, la scoperta della calotta cranica di Trinil segnò uno spartiacque in antropologia. Il pitecantropo di Giava era chiaramente un progenitore umano estinto da molto tempo, dalla capacità cranica molto minore della nostra, ma ancora molto maggiore dell'ambito di variabilità coperto dalle scimmie. Pur commettendo vari errori, Dubois aveva avuto ragione sulla cosa essenziale.

La competizione per trovare altri ominidi proseguì con grande impegno all'inizio del Novecento, soprattutto nell'Asia orientale e in Africa. La scoperta, negli anni '20 e '30, di fossili simili a quelli del pitecantropo a Zhoukoudian (Chu-

kut'ien), in Cina, mostrò che il pitecantropo di Dubois aveva avuto un'ampia diffusione in Asia. L'unificazione del *Sinanthropus* di Zhoukoudian (l'« uomo di Pechino ») col pitecantropo (l'« uomo di Giava ») negli anni '50 fornì la prima prova chiara di una diffusa specie di ominidi, oggi estinta: l'*Homo erectus*. Ma le scoperte più sorprendenti sarebbero state compiute in Africa, a cominciare dalle ricerche di Raymond Dart negli anni '20.

Nel 1922 Dart fu nominato professore di anatomia all'Università di Witwatersrand, in Sudafrica. Questo dev'essere stato un colpo per l'ambizioso australiano (che in precedenza viveva in Gran Bretagna), poiché a quei tempi « Wits » era scientificamente un'area depressa. Dart si impegnò tuttavia a fondare nella nuova università un dipartimento accademico di anatomia, implicante la creazione di una collezione di esemplari anatomici. Egli raccomandò ai suoi studenti di mandargli materiali, e quando uno di loro trovò un cranio fossile di babbuino in una cava a Taung, nei dintorni di Johannesburg, Dart pensò di essere sulla soglia di qualche scoperta interessante.

Fino a quel momento la maggior parte dei resti fossili importanti erano stati trovati in Europa e in Asia: l'uomo di Neandertal, l'uomo di Pechino e l'uomo di Giava erano stati scoperti tutti fuori dell'Africa. Nel 1921, però, un cranio simile a quelli dei neandertaliani fu portato in luce nel nord della Rhodesia (oggi Zambia), dimostrando che anche l'Africa aveva ominidi con ascendenti piuttosto antichi. Dart ne era ben consapevole quando si mise in contatto con il proprietario della cava di Taung, chiedendogli di mandargli altri campioni del materiale. Quello che trovò nelle prime casse da lui ricevute nell'estate del 1924 fu, con suo grande piacere, il più antico fossile umano che fosse mai stato scoperto.

Mentre scavava con grande cura i materiali accumulatisi nel corso del tempo nella caverna di Taung, Dart portò in luce una faccia un po' scimmiesca che lo guardava. Le sue piccole dimensioni e i denti da latte intatti chiarirono imme-

diatamente che era il cranio di un bambino, e la stima della sua capacità cranica fatta da Dart rivelò che essa era compresa nel campo di variazione normale per le scimmie antropomorfe moderne: circa 500 centimetri cubi. La cosa strana erano le dimensioni dei denti canini – molto più piccoli di quelli delle scimmie antropomorfe – e la posizione del grande foro occipitale, l'apertura attraverso la quale il midollo allungato si collega con quello spinale; nel fossile il foro era orientato verso il basso, come nell'uomo moderno, mentre nelle scimmie antropomorfe è orientato all'indietro. Questi due caratteri indicavano, secondo il paleoantropologo australiano, che il bambino di Taung, come divenne noto quest'individuo, non era una comune scimmia. In un articolo del 1925 Dart affermò che il cranio era appartenuto a una nuova specie, da lui chiamata *Australopithecus africanus* (scimmia australe africana), che camminava eretta e usava utensili. Nelle parole di Dart, l'australopiteco africano era « una delle scoperte più importanti mai fatte nella storia dell'antropologia ». Esso fu la prima prova chiara dell'esistenza di un « anello mancante » fra le scimmie antropomorfe e l'uomo in Africa, e diede inizio a una quantità di ricerche sulle origini dell'uomo che sarebbe culminata qualche decennio dopo nell'accettazione universale dell'origine africana dell'umanità. La maggior parte di questa ricerca si sarebbe però concentrata su una regione ad alcune migliaia di chilometri di distanza, nell'Africa orientale.

La Rift Valley fa parte di una grande regione lineare di intenso sconvolgimento geologico creata dall'azione di grandi placche tettoniche che formano la crosta terrestre. Lunga oltre 3000 chilometri, si estende dall'Eritrea, a nord, fino al Mozambico, ed è riconoscibile soprattutto attraverso la serie di laghi che si succedono su tutta la sua lunghezza, fra cui il Turkana, il Victoria, il Tanganica e il Malawi. Questo squarcio longitudinale è stato nel corso degli ultimi 20 milioni di anni un calderone di attività, con vulcani, laghi, montagne e fiumi che si formano e scompaiono rapidamente. Perciò

vengono costantemente sconvolti ed esposti strati di materiali accumulatisi nel corso di milioni di anni: suolo, cenere vulcanica, sedimenti lacustri. Quando ciò accade nell'Africa orientale si verificano spesso cose interessanti: tutto quel che si deve fare è cercarle.

Louis Leakey era cresciuto in Kenya. Figlio di missionari inglesi e allevato in un villaggio kikuyu, aveva speso la propria vita a cercare resti fossili nelle valli e sui letti dei fiumi della Rift Valley. Nel 1959 a Olduvai, nella Tanzania settentrionale, la sua ricerca fu finalmente ripagata. La stagione delle ricerche sul campo stava avvicinandosi alla fine e, terminati i fondi disponibili, Louis e la moglie Mary si preparavano a tornare a Nairobi. Una sera, sulla via del ritorno al campo, Mary si imbatté in un cranio esposto da una frana recente. Dopo avere estratto il fossile, con grande cura, nel corso delle tre settimane seguenti, i Leakey fecero ritorno al loro laboratorio al Kenyan National Museum. L'analisi dettagliata dei resti rivelò che si trattava di un *Australopithecus*, il primo rinvenuto nell'Africa orientale. Ma la cosa sconvolgente fu che – quando si datò lo strato di sedimento in cui il cranio era incluso, usando la tecnica allora nuova dell'analisi isotopica, che calcola l'età sulla base della rapidità del decadimento radioattivo – si trovò un'età di 1,75 milioni di anni. Questa datazione *raddoppiò* quasi la durata di tempo concessa all'evoluzione umana dalla maggior parte degli scienziati. Eppure, a metà strada fra le scimmie antropomorfe e gli esseri umani, c'era un anello mancante, risalente dunque proprio a quel tempo. Il mondo scientifico fu sorpreso, ma anche incoraggiato. I grandi finanziamenti che i Leakey e i loro colleghi ricevettero nella scia della scoperta di Olduvai permisero loro, nei successivi trent'anni, di trovare nella Rift Valley molti altri australopitechi.

La scoperta dell'australopiteco nell'Africa orientale indicava la via verso l'uomo moderno, ma l'ipotesi dell'origine africana dell'umanità cominciò a essere accettata da molti solo quando, negli anni '60 e '70, furono scoperti membri

sicuri del nostro genere *Homo*. I fossili più antichi della specie *Homo erectus* finora scoperti risalgono a circa 1,8 milioni di anni fa, e furono trovati nell'Africa orientale (la variante africana di *Homo erectus* riceve a volte il nome di *Homo ergaster*). Scoperte recenti nella città medievale di Dmanisi, nella Repubblica ex sovietica della Georgia, mostrano che gruppi appartenenti al genere *Homo* lasciarono l'Africa poco dopo, raggiungendo forse l'Asia orientale entro 100.000 anni. Possiamo inferire da ciò che tutti i membri della specie *Homo erectus*, in tutto il mondo, condividevano un progenitore comune vissuto circa due milioni di anni fa in Africa. Ma, secondo i dati mitocondriali del gruppo di Berkeley, la Eva mitocondriale visse in Africa meno di 200.000 anni fa. Come possiamo conciliare i due risultati?

Un problema di cronologia

Fermiamoci un istante e consideriamo il caso obiettivamente. Le prove a sostegno della genesi africana dell'*Homo erectus* sono indiziarie: noi vediamo gli « anelli mancanti » dell'evoluzione umana o solo in Africa o per la prima volta in Africa. Fra di essi c'è una catena ininterrotta di ominidi ancestrali che risalgono a ritroso fino ad almeno 5 milioni di anni fa, quando vissero le scimmie antropomorfe simili a scimpanzé, recentemente scoperte, del genere *Ardipithecus*. Queste prove sono però sufficienti per concludere che l'Africa fu il luogo d'origine anche della nostra specie? Forse, ma i fossili potrebbero anche indurci in errore. Immaginiamo di trovare uno scheletro perfettamente conservato di uomo di Neandertal nella Francia sudoccidentale, risalente esattamente a 40.000 anni fa, e uno di australopiteco in Africa, risalente a due milioni di anni prima. Di questi due ominidi distinti, separati nel tempo da milioni di anni, e nello spazio da migliaia di chilometri, qual è con maggiore probabilità un antenato diretto degli europei moderni? Piuttosto strana-

mente, la scelta vera non è quella che sembrerebbe la più ovvia. Come vedremo più avanti nel corso del libro, gli europei moderni non discendono quasi certamente dai neandertaliani (nonostante quel che potremmo pensare del nostro collega nell'ufficio accanto), mentre, sorprendentemente, è più probabile che sia nostro progenitore diretto l'australopiteco. La nostra conoscenza del passato si fonda su pietre e ossa, ma esse non possono dirci nulla sulla nostra genealogia: solo i geni possono farlo.

Così, la risposta alla nostra domanda sulle date – come riconciliare le due date di 200.000 anni fa e di 2 milioni di anni fa? – è che l'*Homo erectus*, nonostante la sua chiara somiglianza con noi, non si evolse trasformandosi indipendentemente in *Homo sapiens* in varie regioni della Terra. Coon era in errore. La conclusione che si può dedurre dai dati mitocondriali è invece che gli esseri umani moderni si evolsero in Africa in epoca molto recente, e successivamente si dispersero negli altri continenti, sostituendo via via nel corso di questo processo gli altri ominidi. Fu uno scontro spietato, e solo i vincitori lasciarono una traccia genetica. Purtroppo per l'*Homo erectus*, fu lui a soccombere.

Come vedremo, altri dati genetici confermano i risultati forniti dal DNA mitocondriale, situando le radici dell'albero genealogico umano – ossia il progenitore comune più recente delle varie razze umane – in Africa, poche centinaia di migliaia di anni fa. In accordo con questo risultato, tutti i dati genetici situano in Africa il massimo numero di polimorfismi: ossia in questo continente c'è molta più variazione che in qualsiasi altro luogo. È molto più probabile trovare la presenza di linee genetiche estremamente divergenti in un singolo villaggio africano che non nel resto del mondo. La maggior parte dei polimorfismi genetici presenti nella nostra specie si trovano esclusivamente negli africani: europei, asiatici e amerindiani sono portatori solo di un piccolo campione della straordinaria diversità che si può trovare in un qualsiasi villaggio africano.

Perché la diversità indica un'età maggiore? Ripensando al nostro ipotetico paesino provenzale, perché le ricette di *bouillabaisse* cambiano? Perché in ogni generazione una figlia decide di apportare una piccola modifica alla sua zuppa di pesce. Nel corso del tempo, queste piccole variazioni si sommano apportando una quantità straordinaria di diversità nella cucina del villaggio. E – elemento di importanza decisiva – quanto più a lungo il villaggio ha accumulato tali cambiamenti, tanto maggiore è diventata la sua diversità. È come un orologio, il cui ticchettio venga scandito in unità di rosmarino e di timo; quanto più tempo ha misurato, tante più differenze vediamo. È lo stesso fenomeno notato da Zuckerkandl nelle sue proteine: a un tempo maggiore corrisponde una maggiore quantità di cambiamento. Così, quando in una particolare popolazione osserviamo una maggiore diversità genetica, possiamo inferirne che la popolazione è più antica; e sulla scorta di questo principio possiamo concludere che la popolazione africana è la più antica di tutte.

Ma la localizzazione delle radici del nostro albero genealogico in Africa significa forse che Coon aveva ragione, e che gli africani sono congelati in una sorta di limbo dell'evoluzione? Ovviamente no: tutti i rami dell'albero genealogico umano cambiano con lo stesso ritmo, sia in Africa sia fuori dell'Africa, cosicché su tutti i continenti ci sono linee evolutive derivate. È questa la ragione per cui vediamo una maggiore diversità in Africa: ogni ramo ha continuato a evolvervisi, accumulando altri mutamenti. Uno dei corollari interessanti del fatto di inferire un singolo progenitore comune è che ogni linea discendente continua a cambiare allo stesso ritmo, e perciò tutte le linee hanno la stessa età. Il tempo che è trascorso fra il tipo del mio DNA mitocondriale e quello di Eva è esattamente lo stesso di quello di un pastore africano, o di un capitano di nave thai, o di un cacciatore yanomami in Brasile: noi tutti siamo i discendenti recenti di una singola donna vissuta in Africa meno di 150.000 anni fa.

Questo risultato non ci dice nulla su dove sia effettiva-

mente vissuta Eva, su dove fosse il paradiso terrestre in Africa. Questo è, in un certo senso, un falso problema, in quanto sappiamo che a quel tempo molte donne vivevano in tutta l'Africa. Riformulando leggermente la domanda, possiamo però chiederci quali popolazioni in Africa conservino le tracce più chiare dei nostri progenitori genetici. Anche se la diversità in Africa non è ancora stata studiata in modo completo, il quadro finora emerso ci mostra che le linee genetiche più antiche si trovano in popoli che vivono nell'Africa orientale e australe. Possiamo inferirne che queste popolazioni hanno mantenuto una connessione mitocondriale diretta fino a Eva, mentre la parte restante dell'umanità ha perso per strada alcuni di tali segnali genetici. Continueremo la nostra ricerca dell'Eden nel prossimo capitolo, usando come guida Adamo.

3
IL COMPAGNO DI EVA

> Una donna senza un uomo è come un pesce senza bicicletta.
>
> Gloria Steinem

Nel capitolo precedente ci siamo imbattuti in « Eva », la progenitrice dell'intera umanità attuale, vissuta in Africa circa 150.000 anni fa. Fondandoci sulle popolazioni che sembrano avere conservato i segnali genetici più chiari derivanti dalla nostra ava remota, abbiamo cominciato la ricerca del Giardino dell'Eden. Prima però di procedere oltre, dobbiamo precisare ulteriormente l'unicità di Eva. Essa rappresenta la radice dell'albero genealogico mitocondriale, e in tale qualità unisce tutte le persone del mondo in una storia materna comune. Non è però necessariamente vero che ogni parte del nostro DNA debba raccontare la stessa storia. In conseguenza della ricombinazione sessuale, il nostro genoma è composto da un gran numero di blocchi ognuno dei quali si è evoluto in modo in gran parte indipendente. Così una regione del nostro DNA potrebbe avere avuto origine in Indonesia, mentre un'altra iniziò il suo viaggio in Messico. La linea evolutiva di Eva è dunque l'unica che indichi una migrazione « recente » a partire dall'Africa?

La risposta è che il resto del nostro genoma riflette essenzialmente un'evoluzione simile a quella del DNA mitocondriale, pur tendendo ad avere un grado di risoluzione minore. Gli studi dei polimorfismi nel gene della beta-globina (che codifica la componente del sangue portatrice di ossigeno), nel gene CD4 (che codifica una proteina che aiuta a regolare il sistema immunitario) e in una regione del DNA sul

cromosoma 21 mostrano che le popolazioni africane presentano una diversità molto maggiore di quelle che vivono fuori dell'Africa, e forniscono date sostanzialmente minori di 2 milioni di anni per l'età del nostro progenitore africano comune. Ma il problema nell'uso di marcatori come questi – nelle 22 coppie di cromosomi che compongono la maggior parte del nostro genoma – consiste nel fatto che, nel corso del tempo, l'informazione tende a essere rimescolata. Quanto più separati sono i polimorfismi tanto più è probabile che siano stati rimescolati. E poiché il rimescolamento oscura il segnale storico, ciò significa che la maggior parte del nostro genoma non è molto utile per ricostruire le migrazioni.

C'è però un pezzo del DNA che si è rivelato recentemente uno strumento prezioso per inferirne dettagli sulla storia umana, fornendoci una risoluzione sulle vie seguite dai nostri avi durante le loro migrazioni molto maggiore di quanto avremmo potuto ritenere possibile. È l'equivalente maschile del DNA mitocondriale, nel senso che si trasmette solo di padre in figlio. Per questa ragione esso definisce una linea evolutiva esclusivamente maschile, una controparte della linea femminile chiarita dallo studio dell'mtDNA: è il *patrimoine* nel nostro paese provenzale, e il meccanismo dell'estinzione e diversificazione di linee evolutive che abbiamo visto all'opera nel caso delle ricette della *bouillabaisse* si applica anche a questo pezzo di DNA. Esso è noto come il cromosoma Y.

Ma aspettate un momento, potreste dirmi: che cosa significano tutte queste chiacchiere sulle linee evolutive materna e paterna? Noi pensavamo che l'idea del sesso equivalesse a una mescolanza al 50 per cento dei genomi della madre e del padre per produrre il figlio. Perché mai dobbiamo avere queste stranezze che violano le regole? Nel caso del DNA mitocondriale la risposta è facile: esso si trova effettivamente all'esterno di quello che concepiamo come il genoma umano, un residuo evoluzionistico di un tempo in cui esso era semplicemente un batterio che viveva all'interno delle cellule più

antiche. Il DNA mitocondriale della madre non si mescola quindi con quello del padre, ed è solo l'mtDNA della madre che, trovandosi nell'ovulo fecondato, viene trasmesso ai figli. La storia del cromosoma Y è invece un po' più complicata.

Uno dei caratteri più bizzarri della riproduzione sessuale è il fatto che i cromosomi che determinano il sesso – i cosiddetti cromosomi sessuali – fanno eccezione alla regola della mescolanza al 50 per cento fra i due sessi. Nei cromosomi sessuali viene meno la consueta configurazione doppia del nostro genoma, con due copie di ogni cromosoma. Ciò dipende dal modo in cui il sesso viene determinato nella maggior parte degli animali, attraverso la presenza di un cromosoma sessuale non accoppiato. Nel caso dei mammiferi è il maschio a non avere l'accoppiamento regolare, presentando un cromosoma X e un cromosoma Y. Nelle femmine il cromosoma X è regolarmente presente in due copie, come gli altri cromosomi, permettendo così la normale ricombinazione. Nei maschi il cromosoma Y corrisponde al cromosoma X solo in brevi regioni ai due estremi, che servono ad allineare in modo appropriato i cromosomi sessuali durante la divisione cellulare. La parte restante del cromosoma Y, nota come la sua porzione non ricombinante, non ha alcuna relazione col cromosoma X. Esso non ha quindi un cromosoma appaiato con cui potersi ricombinare, cosicché non lo fa. Esso passa dunque, per sempre, non rimescolato da una generazione all'altra esattamente come il genoma mitocondriale.

Risulta così che il cromosoma Y fornisce ai genetisti di popolazioni lo strumento più utile a disposizione per studiare la diversità umana. Ciò dipende anche dal fatto che, diversamente dal DNA mitocondriale – una molecola lineare formata grosso modo da 16,000 unità di nucleotidi –, il cromosoma Y è enorme, avendo una lunghezza di circa 50 milioni di nucleotidi. Esso possiede perciò un numero grandissimo di siti in cui possono essersi verificate mutazioni in passato. Come abbiamo visto nel capitolo precedente, un numero maggiore di siti polimorfi ci fornisce una risoluzione miglio-

re; se noi potessimo lavorare solo sui tipi di sangue di Landsteiner, potremmo cominciare suddividendoli in quattro categorie: A, B, AB e 0. Per esprimerci in un altro modo, il paesaggio dei possibili polimorfismi del cromosoma Y è semplicemente molto più grande. E lo è anche in un modo che risulta estremamente utile ai nostri fini: grazie alla mancanza di ricombinazione, infatti, possiamo inferire l'ordine in cui le mutazioni hanno avuto luogo sul cromosoma Y, esattamente come abbiamo visto per il DNA mitocondriale. In assenza di questo carattere non potremmo usare i metodi di Zuckerkandl e di Pauling per definire le linee evolutive, e il rasoio di Occam non potrebbe esserci di alcun aiuto per determinare i nostri progenitori.

Come può esistere Y senza la ricombinazione? Questo fatto non contraddice l'idea che dobbiamo essere in grado di creare diversità per poter reagire a eventuali mutamenti ambientali? Senza dubbio la mancanza di ricombinazione comporta quasi certamente conseguenze negative ai fini dell'evoluzione: questa è una parte della ragione del basso numero di geni funzionali che si trovano sul cromosoma Y. Il numero dei geni attivi varia molto fra parti diverse del genoma. Nel mitocondrio, per esempio, ce ne sono trentasette. Il numero totale dei geni nel genoma del nucleo è di circa 30.000: in media 1500 circa per cromosoma. La maggior parte delle migliaia di geni che dovettero esistere nel progenitore batterico dei mitocondri sono andati perduti nelle ultime centinaia di milioni di anni, in cui i mitocondri sono diventati maggiormente parassitici, rinunciando all'autonomia in cambio di una vita coccolata all'interno di un'altra cellula. Alcuni geni sono addirittura entrati a far parte del nostro DNA nucleare, lasciandoci nella strana situazione di avere piccoli pezzi del nostro genoma che sono di origine batterica. Così nel caso del DNA mitocondriale pare quasi che ci sia stata una pressione perché esso perdesse i suoi geni, trasferendo quelli critici al nucleo, dove la ricombinazione poteva mantenerli in forma per la corsa dell'evoluzione.

Vediamo lo stesso modello della perdita di geni nel cromosoma Y. Benché il cromosoma umano medio abbia circa 1500 geni attivi, sul cromosoma Y ne sono stati identificati solo ventuno. Alcuni di questi sono presenti in copie multiple, come se in un certo momento del passato la macchina copiatrice si fosse inceppata mentre stava duplicando il gene corrispondente; nel nostro computo questi geni multipli sono conteggiati come un unico gene. Cosa interessante, tutti i ventun geni sul cromosoma Y partecipano in qualche modo alla creazione della « mascolinità », particolarmente il gene noto come *SRY* (per *Sex-determining Region of the Y*, regione di Y che determina il sesso), che è il principale interruttore per la creazione di un maschio da un embrione indifferenziato. Gli altri geni hanno solo funzioni secondarie, contribuendo a determinare l'aspetto (e il comportamento) maschile. Per la maggior parte, però, il DNA che compone il cromosoma Y è privo di qualsiasi funzione discernibile. È il cosiddetto « *junk* DNA » (« DNA spazzatura », o « DNA non codificante ») che viene trasmesso da una generazione all'altra senza conferire alcuna utilità. Ma pur potendo essere « spazzatura » dal punto di vista della biologia, esso è molto importante per i genetisti di popolazioni.

Come abbiamo visto, possiamo studiare la diversità umana solo osservando le differenze: il linguaggio della genetica di popolazioni è scritto nei nostri polimorfismi. Queste differenze definiscono noi tutti come individui unici: eccezion fatta per il caso dei gemelli identici, non esistono al mondo due persone che abbiano la stessa configurazione di polimorfismi genetici. Questa è la nozione che è alla base della « prova del DNA », usata per identificare i criminali. Applicato al cromosoma Y, questo metodo ci permette di ricostruire una linea genealogica maschile unica a ritroso nel tempo, da figlio a padre a nonno e via dicendo. Portata all'estremo, ci consente di risalire nel tempo dal DNA di un qualsiasi uomo vivo oggi fino al nostro primo progenitore maschile comune: Adamo. Ma in che modo questo procedimento riesce a col-

legare in suddivisioni regionali uomini che non hanno alcun legame fra loro? Ogni uomo deve sicuramente far risalire il suo cromosoma Y unico sino ad Adamo?

La risposta è « no », ma la ragione è un po' complicata. Il fatto è che noi non siamo reciprocamente così indipendenti come crediamo. Immaginiamo la situazione per la maggior parte del nostro genoma, ossia per quelle parti che non vengono esclusivamente da nostra madre o da nostro padre. Poiché noi ereditiamo metà di questo DNA da ognuno dei nostri genitori, la configurazione dei polimorfismi che esso contiene può essere usata per inferirne la paternità, in quanto esso ci connette sia a nostra madre sia a nostro padre. Se in tribunale viene dimostrato che il mio DNA ha una corrispondenza al 50 per cento con quello di un bambino che non ho mai visto, è probabile che io debba pagare per il suo mantenimento per molti anni a venire: la probabilità che una tale corrispondenza possa verificarsi per caso è infatti infinitesima. Così i polimorfismi definiscono noi, e i nostri genitori, come parte di un ramo genealogico unico. Nessun altro gruppo di persone ha esattamente la stessa storia scritta nel suo DNA.

Se estendiamo oltre questa osservazione, e cominciamo a pensare ai nostri nonni, e ai loro nonni, e via dicendo, perdiamo in ogni generazione qualche parte di informazione. Io ho una corrispondenza al 50 per cento con mio padre, ma solo una al 25 per cento con mio nonno, e solo al 6 per cento con suo nonno. Ciò si deve al fatto che a ogni generazione, procedendo a ritroso nel tempo, acquistiamo nuovi progenitori, i quali si accumulano molto rapidamente. Ognuno dei miei genitori ha due genitori, e ognuno di loro ne ha altri due, e via dicendo. Il genetista Kenneth Kidd, della Yale University, ha sottolineato che, raddoppiando il numero dei progenitori a ogni generazione (ogni venticinque anni circa), intorno a circa 500 anni fa ognuno dovrebbe avere avuto più di un milione di progenitori vivi. Se risaliamo al tempo dell'invasione normanna dell'Inghilterra, circa mille

anni fa, il nostro calcolo ci dice che dobbiamo avere avuto più di un bilione (1.000.000.000.000) di progenitori: un numero molto maggiore del numero totale di persone esistite durante l'intera storia umana. Che cosa significa tutto questo? I nostri calcoli sono in qualche modo sbagliati?

La risposta è: sì e no. Il calcolo è senza dubbio corretto: la crescita esponenziale è nota almeno a partire dal tempo dei greci, e noi tutti abbiamo familiarità con un esempio nel mondo reale, quello del «procreare come conigli». L'errore nel nostro computo dei progenitori deriva non da un cattivo funzionamento della calcolatrice, bensì dall'assunto che ogni persona nella nostra genealogia sia del tutto indipendente da ogni altra. È chiaro invece che i vari individui devono condividere un numero più o meno grande dei loro avi, altrimenti non potremmo mai far funzionare i numeri. Per far concordare matematica e realtà dobbiamo infatti moltiplicare in ogni generazione per un numero minore di due: per la maggior parte delle persone il numero dovrebbe essere in effetti molto vicino a uno. E possiamo trovarne la ragione facendo un po' di *bird-watching* poetico.

Acqua, acqua dovunque...

Samuel Taylor Coleridge, poeta romantico, classicista fallito e tossicomane, visse nel 1797-1798 in un paesino del Dorset. Fra energiche camminate sulle colline e lunghe discussioni col suo vicino, il poeta William Wordsworth, Coleridge trovò il tempo per un accesso di attività letteraria che avrebbe prodotto fra l'altro le sue due opere più significative, *Kubla Khan* e *The Rime of the Ancient Mariner* (*La ballata del vecchio marinaio*). La prima, da lui composta in modo subconscio mentre si trovava in uno stato di sogno indotto dall'oppio – come si poteva evocare meglio «una casa / su caverne di ghiaccio ed assolata»?[1] –, è un esercizio straordinario di immaginazione letteraria. La seconda, scritta in un

periodo di maggiore sobrietà, descrive i travagli di una nave nei mari del Sud. Il vecchio marinaio viola per insensibilità una delle leggi non scritte del mare uccidendo con la balestra un albatro, condannando l'intero equipaggio a soffrirne le conseguenze, con la nave immobilizzata dalla totale assenza di vento sotto un torrido sole (« acqua, acqua dovunque, / ma non un goccio da bere »).[2]

Il marinaio sopravvive a questa prova, ma i suoi compagni non sono altrettanto fortunati, e cadono morti alla vista della nave fantasma. Come punizione, il marinaio è condannato a trascorrere il resto della sua vita come un vagabondo, predicando sui pericoli della distruzione dell'ambiente.

L'immagine più imperitura della *Ballata del vecchio marinaio* è quella dell'albatro, simbolo della buona sorte. Ma perché si pensava che quest'uccello portasse fortuna? Fondamentalmente, a causa di un fraintendimento. In ogni viaggio i marinai passavano in mare varie settimane, spesso circondati da una distesa d'acqua a perdita d'occhio in tutte le direzioni, sognando di avvistare una terra. Uno dei primi segnali della vicinanza di una terra era spesso l'avvistamento di uccelli, i quali erano quindi considerati portatori di una bella notizia, come la colomba di Noè che recava nel becco un ramoscello d'ulivo. L'albatro – uno degli uccelli più maestosi, con la sua apertura alare che supera a volte i tre metri e mezzo – era visto come un auspicio importante. Purtroppo, però, questo uccello – diversamente da tutti gli altri – trascorre la maggior parte della sua vita in mare. Si sa di qualche esemplare che ha passato sul mare più di due anni, spesso dormendo in aria, senza sforzo, trasportato dai venti in volo planato per migliaia di chilometri sopra l'oceano aperto. Così, quando i marinai pensavano di vedere la colomba di Noè, erano in realtà ingannati da un trasvolatore peripatetico.

Ma anche un uccello così mirabilmente adattato al volo – pur passando la vita in volo sugli oceani del mondo – è tuttavia costretto a tornare sulla terra nel periodo della riprodu-

zione. L'albatro ha un modo tipico di risolvere questo problema, fornendoci uno squarcio affascinante di storia naturale. Nonostante il suo stile di vita vagabondo, e nonostante una durata di vita di più di cinquant'anni, questo uccello torna sempre ad accoppiarsi sulla stessa isola. Il legame di coppia dura per tutta la vita: maschio e femmina tornano sempre alla loro isola nel periodo dell'accoppiamento, e si dividono in parti uguali il compito dell'allevamento del singolo figlio. Dopo qualche mese, quando il piccolo albatro è pronto a prendere il volo per il mondo, la famiglia si scioglie, e anche i genitori, dopo avere segnato sull'agenda l'appuntamento per l'anno seguente, si salutano e tornano sul mare.

L'effetto evoluzionistico del ritorno alla stessa isola per la riproduzione, pur favorendo l'evoluzione di specie differenti sulle diverse isole, è la tendenza a omogeneizzare gli uccelli che si riproducono su ogni particolare isola. Quando gli esemplari giovani si radunano per la prima volta sulla loro isola come giovani adulti, i maschi eseguono una danza di corteggiamento rituale per impressionare le femmine, le quali scelgono il partner senza badare da quale parte dell'isola proviene. Quando si è un albatro e ci si trova sull'isola al tempo giusto (la selezione non considera molto chi « arriva un po' in ritardo »), ci sono buone probabilità di riuscire ad accoppiarsi.

Il termine evoluzionistico per specificare il comportamento riproduttivo di una specie come l'albatro è « pangamia » (o « panmissia »), nel senso che ogni individuo ha la potenzialità di accoppiarsi con qualsiasi individuo di sesso opposto in cui si imbatta sull'isola nel tempo giusto. Benché l'albatro possa sorvolare durante la sua vita gran parte degli oceani del mondo, non mette radici in nessun luogo tranne che nell'isola da lui scelta. Non vale certamente lo stesso per gli esseri umani. Quando ci trasferiamo da un luogo a un altro, tendiamo ad accoppiarci con persone che vivono nel nostro nuovo luogo di residenza. Se registriamo su un diagramma

la distanza fra i luoghi di nascita dei coniugi per epoche diverse, vediamo che fino a poco tempo fa (per esempio fino a cento anni fa) questa distanza era molto piccola. Mia moglie e io siamo nati in due luoghi così lontani fra loro come Atlanta, in Georgia, e Hong Kong, cosa che sarebbe stata virtualmente inaudita solo poche generazioni fa. Trendell avrebbe finito per sposare qualcuno di Kowloon o della collina elegante di Mid-Levels, mentre io sarei stato accalappiato da una *Southern belle.*

L'effetto di questa localizzazione delle abitudini di accoppiamento è quello di rendere le persone che vivono in una stessa regione più simili l'una all'altra nel corso del tempo, e di accrescere la divergenza fra una località e l'altra. Se voi incontraste un vostro cugino (o cugina) di terzo grado lo (o la) riconoscereste o no come parente? Io caso negativo, se vi trovaste molto bene insieme e faceste un figlio, che cosa significherebbe? Geneticamente, significherebbe che vostro figlio o vostra figlia avrebbero un po' meno di due genitori indipendenti, dal momento che avreste una parte del vostro genoma in comune col vostro partner. Ciò significa che nel nostro calcolo degli avi il moltiplicatore sarebbe inferiore a due, fornendoci così la soluzione al nostro rompicapo matematico. Poiché c'è stata una forte tendenza storica a scegliere il proprio partner fra le persone che vivevano nella stessa zona (« moglie e buoi dei paesi tuoi »), è accaduto inevitabilmente che i coniugi avessero rapporti di parentela, per quanto lontani (ossia che avessero in comune parti più o meno grandi del genoma). Sono stati questi geni comuni a rendere gli abitanti di una stessa regione più simili l'uno all'altro.

In talune regioni, ovviamente, il grado di parentela è molto stretto, con matrimoni fra cugini primi piuttosto comuni: noi tutti abbiamo aneddoti preferiti sull'« accoppiamento tra consanguinei ». Ma anche quando il grado di parentela non è stretto, il lieve grado di « consanguineità » che si è verificato in tutte le società tradizionali tenderà nel corso del tempo a produrre una configurazione distintiva nella frequenza dei

polimorfismi in tale regione. Così, nello stesso modo in cui i tuoi polimorfismi ti definiscono in modo unico come figlio dei tuoi genitori, le persone di una particolare regione del mondo sono definite in quanto tali da segnali genetici caratteristici della loro origine geografica. Sono questi i segnali che studiamo noi genetisti di popolazioni: non solo l'unità della specie in virtù dei nostri progenitori comuni, Adamo ed Eva, condivisi da noi tutti, ma anche le « unità regionali » aggiuntive che compongono quel mosaico che è l'umanità moderna. Come abbiamo visto dall'analisi di Dick Lewontin, questi segnali sono piuttosto deboli ma ci sono. Tutto sta a trovare i polimorfismi che ci uniscono in gruppi regionali, e per fare questo dobbiamo spendere un po' più di tempo in laboratorio.

... ma non un goccio da bere

L'intuizione di Zuckerkandl e di Pauling di vedere i polimorfismi come una sorta di orologio dell'evoluzione, e di utilizzarli per analizzare il passato, alla ricerca del nostro comune progenitore, ci ha dato un indizio su come interpretare la massa dei dati mitocondriali e inferirne l'esistenza di Eva. Ovviamente, poiché anche il cromosoma Y è esente dalla ricombinazione, si applicano anche a esso le medesime considerazioni. Seguendo la via definita dai polimorfismi di Y, possiamo rintracciare facilmente e rapidamente anche Adamo: tutto ciò di cui abbiamo bisogno sono i polimorfismi. E qui il cromosoma Y gioca una carta importante, poiché fino a poco tempo fa sembrava che i suoi marcatori non fossero molto numerosi.

Nel 1994 Rob Dorit, Hiroshi Akashi e Walter Gilbert (il coscopritore della sequenziazione del DNA negli anni '70) pubblicarono uno strano articolo sulla prestigiosa rivista scientifica *Science*. L'articolo era strano non a causa di ciò che essi avevano trovato, ma di ciò che non avevano trovato.

Intitolato *Absence of Polymorphism at the* ZFY *Locus on the Human Y-Chromosome*, descriveva un'analisi di trentotto uomini di ogni parte del mondo nel quadro di uno sforzo mirato a scoprire polimorfismi sul loro cromosoma Y. Benché sul cromosoma Y fossero già stati identificati alcuni polimorfismi – i primi furono scoperti indipendentemente da Myriam Casanova e da Gerard Lucotte nel 1985 –, essi erano in numero molto minore rispetto a quelli noti per qualsiasi altro cromosoma. Il risultato sorprendente della rassegna di Dorit & C. fu che nella regione da loro esaminata del cromosoma Y umano non c'era alcuna variazione. Non era stata riscontrata neppure una singola sequenza di DNA variante; ciò implicava che tutti gli uomini condividessero un progenitore comune molto recente. Non essendo stata però scoperta alcuna variazione, era impossibile dire dove tale persona potesse essere vissuta. In una situazione del genere, essi avrebbero anche potuto avere tutti uno stesso padre: un Casanova che avesse dato sfogo alla sua esuberanza in tutto il mondo. A causa, però, della piccola quantità di DNA da loro studiato – per una lunghezza di circa 700 nucleotidi – e del piccolo numero di uomini presi in esame, poteva anche darsi che fossero stati sfortunati, scegliendo per caso una regione che non variava in quei particolari cromosomi Y. Per questa ragione, la stima della data del progenitore comune più recente degli uomini – in altri termini, di Adamo – era compresa fra 0 e 800.000 anni. L'imprecisione di questa stima non forniva alcuna nuova informazione sull'origine dell'uomo e sulle sue migrazioni, oltre a dissuadere i ricercatori che avessero voluto cimentarsi nello studio della genetica di popolazioni del cromosoma Y.

Alcuni polimorfismi emersero però negli anni immediatamente successivi, e Michael Hammer, dell'Università dell'Arizona, poté trovare abbastanza diversità da situare Adamo in Africa negli ultimi 200.000 anni, confermando i risultati dell'analisi mitocondriale e fissando la scena – con un'ipotesi seducente – per un luogo d'incontro ancestrale fra Adamo ed

Eva nel Veldt africano. Il numero totale di polimorfismi di Y in grado di fornire informazioni era però ancora molto piccolo. Era venuto il momento di intensificare la ricerca della diversità, e ancora una volta il contesto giusto sarebbe stato fornito dalla baia californiana di San Francisco.

Sotto pressione

Peter Underhill iniziò la sua carriera scientifica studiando biologia marina in California verso la fine degli anni '60, e conseguì infine il dottorato presso l'Università del Delaware nel 1981. Tornato poi in California, si avventurò nel campo emergente della biotecnologia, progettando fra l'altro enzimi da usare nelle ricerche di biologia molecolare. Di particolare importanza è il fatto che, nel corso di tali esperienze, assorbì la sorprendente varietà di tecnologie emergenti che i genetisti stavano allora sviluppando. Quella fu un'epoca entusiasmante per l'incipiente industria della biotecnologia, e l'area di San Francisco fu l'epicentro della rivoluzione promessa dal DNA ricombinante. Taglio e incollaggio (*splicing*) di geni divennero la controparte biologica dell'industria in espansione dei computer nella Silicon Valley e nelle città circostanti.

Nel 1991, stanco del mondo commerciale, Underhill fece domanda di assunzione come ricercatore associato presso il laboratorio di Luca Cavalli Sforza alla Stanford University. Accolto nel gruppo di Cavalli Sforza – un gruppo unito e dedito a una stretta cooperazione –, vi si integrò perfettamente, e dopo avere cominciato a lavorare in laboratorio alla sequenziazione di DNA mitocondriale, spostò ben presto il suo interesse sul cromosoma Y. A quel tempo il laboratorio di Cavalli Sforza era un luogo entusiasmante, dove si aveva la chiara sensazione di « segnare una nuova strada » nel campo: io stesso mi considero fortunato per avervi lavorato a quel tempo come ricercatore postdottorato. Quasi settimanal-

mente vi si sviluppavano nuovi metodi di analisi statistica e genetica, e il clima intellettuale vi era impeccabile. Quasi tutte le figure principali nella genetica di popolazioni umane trascorsero un qualche periodo di tempo a Stanford durante gli anni '90: fra di essi ci furono studenti e ricercatori post-dottorato come David Goldstein, Mark Seielstad e Li Jin, che incontreremo tutti di nuovo più avanti nel libro. Fu però, abbastanza stranamente, un chimico analista ad avere il massimo impatto nella nostra storia. Per spiegare perché, abbiamo bisogno di qualche altra informazione sulla molecola che compone il nostro genoma.

Uno fra i principali strumenti nell'armamentario tecnico del genetista è la capacità di separare frammenti del DNA sulla base della grandezza. Il DNA all'interno delle vostre cellule, come le proteine, è una catena lineare di blocchi da costruzione noti come basi nucleotidi. Le informazioni sono codificate nella sequenza di basi che compongono il DNA, un po' come gli amminoacidi che compongono una proteina. Diversamente dalle proteine, però, il DNA ha solo quattro «lettere», dette *basi nucleotidi*: adenina (A), citosina (C), guanina (G) e timina (T). L'informazione che esse codificano – il manuale di istruzioni per costruire ognuno di noi – è contenuta nella particolare sequenza di questi quattro nucleotidi. Nello stesso modo in cui il codice Morse può trasmettere una grande quantità di informazioni usando solo punti e linee, il DNA può codificare l'essenza biologica di un organismo nella sequenza dei nucleotidi. Poiché questi sono disponibili nel numero di 3 miliardi, si possono trasmettere una grandissima quantità di dati.

Come metodo per inferire la *sequenza* dei nucleotidi in una molecola di DNA si possono usare tecniche che separano un miscuglio di molecole sulla base della loro *grandezza*. Questo perché le tecniche biochimiche possono generare frammenti di DNA di una particolare lunghezza sulla base della loro sequenza. Una volta generati i frammenti, essi possono essere separati facendoli passare attraverso una matrice

simile a gelatina in presenza di un campo elettrico. Poiché il DNA ha carica negativa, i frammenti migrano verso l'estremo di carica positiva della matrice: al livello molecolare, gli opposti si attraggono davvero. Cosa interessante, se si compie quest'operazione in una matrice di gel, i frammenti saranno ritardati nel loro movimento, dovendo navigare attraverso il labirinto di minuscoli canali nel gel. La misura in cui saranno ritardati dipende dalla loro lunghezza: le molecole lunghe sono ritardate più di quelle corte, avendo più materiale da far passare attraverso i canali della matrice. Il tutto è molto complicato in teoria, ma funziona benissimo in pratica. Questa tecnica, nota come sequenziazione, è alla base di quasi tutte le scoperte genetiche importanti che sono state compiute negli ultimi trent'anni. La sequenziazione del genoma umano, per esempio, ha comportato l'applicazione di questa tecnica decine di milioni di volte: un compito non terribilmente eccitante, ma efficace.

Una difficoltà insita nella tecnica della sequenziazione è la sua grande lentezza; inoltre le reazioni biochimiche che permettono di determinare la sequenza della molecola di DNA in studio possono essere molto costose. Perciò i genetisti cercano di usare metodi più rapidi ed economici per esaminare sequenze di DNA, cercando spesso differenze fra l'individuo in esame e uno la cui sequenza sia già stata laboriosamente determinata per mezzo dei metodi della biochimica e del gel. Le differenze fra le sequenze di DNA sono i nostri polimorfismi; sono questi a permetterci di determinare la suscettibilità individuale alla malattia, il colore dei capelli (supponendo che non ve li siate tinti) e tutte le altre differenze ereditarie fra persone. La maggior parte dei polimorfismi non ha però alcun effetto sulla persona che ne è portatrice: è un bagaglio ereditato, i marcatori della propria linea evolutiva. Essi sono però i marcatori di più grande interesse per gli antropologi e per gli storici.

Il nostro chimico Peter Oefner è un austriaco serio, molto attivo, proveniente dalla regione del Tirolo nei pressi di Inn-

sbruck. Nell'ultimo decennio del Novecento condusse ricerche a Stanford sulla separazione di molecole di DNA usando una tecnica nota come cromatografia liquida ad alta pressione (HPLC, da *High Pressure Liquid Chromatography*). In particolare, stava cercando di sviluppare un metodo per identificare la sequenza di una molecola di DNA usando la HPLC, che separa le molecole molto più rapidamente dei metodi con il gel. Peter Underhill ebbe occasione di assistere alla presentazione di questa tecnica da parte di Oefner a un seminario nel dipartimento di genetica, nell'ora di mezzogiorno. Egli fu immediatamente colpito dall'applicabilità di questo metodo alla ricerca dei polimorfismi del cromosoma Y, e avvicinò Oefner per chiedergli se fosse interessato a collaborare con lui. I due si misero presto febbrilmente al lavoro, con un impegno che li indusse a rinunciare ai loro weekend per i successivi diciotto mesi.

La collaborazione fra i due Peter avrebbe prodotto infine una tecnica nota come HPLC denaturante, o, in breve, dHPLC. Questa tecnica utilizza una proprietà fortuita delle molecole di DNA: quella di essere catene di nucleotidi appaiati formate da un doppio filamento, tenuto insieme dalla reciproca attrazione fra le basi nucleotidi che lo compongono. Nel mondo del DNA l'adenina si appaia sempre con la timina, e la citosina con la guanina, a causa della particolare natura della loro struttura molecolare. Ciò significa che, se si conosce la sequenza dei nucleotidi che compongono un filamento, si conosce automaticamente anche quella dell'altro filamento. Questo fatto ha due effetti benefici. Il primo è quello di stabilizzare la molecola di DNA, rendendola meno soggetta a distruzione da parte di enzimi e di sollecitazioni ambientali. È stato recuperato del DNA da ossa di 50.000 anni fa, mentre l'equivalente a filamento singolo, noto come RNA, che si trova anche nelle nostre cellule, è troppo instabile per durare così a lungo. Il secondo beneficio della struttura a doppio filamento è quello di permettere di avere una copia di sicurezza dei dati contenuti nella sequenza di basi nucleo-

tidi. Se su un filamento della molecola di DNA si verifica un cambiamento (ossia una mutazione), il nucleotide che è la sua immagine speculare sul filamento opposto non si accoppierà più perfettamente con esso. In questo punto nel secondo filamento ci sarà una lieve gobba accidentale, dovuta all'accoppiamento imperfetto fra le basi. Queste gobbe vengono scoperte facilmente dal meccanismo di lettura delle bozze nella cellula, e il danno viene riparato.

Il metodo della dHPLC usa la tecnica di separazione incredibilmente sensibile della cromatografia liquida ad alta pressione come sostituto del meccanismo cellulare della lettura delle bozze. Essa fa passare le molecole di DNA male accoppiate attraverso una matrice che ritarda il loro movimento sulla base della struttura (non della lunghezza) della molecola. Se nel filamento c'è una gobba, il movimento viene alterato e i frammenti male accoppiati possono essere scoperti grazie a un diverso comportamento di migrazione. Questo metodo ci permette di analizzare, in modo rapido ed economico, un intero frammento di DNA – della lunghezza di centinaia di nucleotidi – alla ricerca di differenze rispetto a un altro frammento di DNA la cui sequenza sia nota. Questo metodo offre il vantaggio di un fantastico risparmio di tempo, e ci ha permesso di compiere un balzo in avanti cruciale nella nostra capacità di «sequenziare» i nostri geni.

Le applicazioni mediche di questo fantastico metodo fisico-chimico sembrano chiare, e la tecnica è già stata usata per determinare le mutazioni genetiche che sono alla base di varie malattie umane. Ma che cosa può aggiungere allo studio di antiche migrazioni? La risposta è che, se si applica questa tecnica a una stessa regione di DNA in molti individui, si possono scoprire le differenze genetiche esistenti fra loro. Ciò permette di sondare in modo rapido ed efficiente il livello di diversità genetica nella specie umana, fornendo una varietà di polimorfismi da studiare. Prima che venisse sviluppata la cromatografia liquida ad alta pressione, sul cromosoma Y era stati identificati forse una dozzina di polimorfismi. Al-

l'ultimo conteggio il loro numero era salito a 400, e sta ancora crescendo da una settimana all'altra. Se Rob Dorit e colleghi fossero stati in grado di eseguire il loro studio della diversità di Y con la HPLC, avrebbero trovato qualche variazione. Come spesso accade nella scienza, la tecnologia ha dischiuso un campo a nuovi modi per risolvere antichi enigmi, spesso fornendo risposte sorprendenti.

Adamo è in ritardo

La prima domanda ovvia che ci si deve porre è: il gran numero di poliformismi di Y indica ancora un'origine africana per gli esseri umani moderni? La risposta inequivoca è: sì, e uno studio pubblicato nel novembre 2000 dai due Peter e da altri diciannove autori (me compreso) nella rivista scientifica *Nature Genetics* formulò i risultati in modo chiaro e succinto. Si studiò un campione di uomini su scala mondiale, tratto da decine di popolazioni su ogni continente, usando il tesoro recentemente scoperto dei polimorfismi di Y. Applicando gli stessi metodi usati nei precedenti studi del DNA mitocondriale, fu costruito un diagramma ad albero sulla base delle variazioni nelle sequenze. Questo diagramma dimostrò che le divisioni più antiche nella linea evolutiva del cromosoma Y si verificarono in Africa: esattamente la stessa risposta che ci aveva fornito per le donne lo studio del DNA mitocondriale. La sorpresa maggiore venne dalla stima della data per il progenitore comune più antico. Quest'uomo, da cui deriva il cromosoma Y di tutti gli uomini oggi viventi, visse 59.000 anni fa. Più di 80.000 anni dopo la data stimata per Eva! Adamo ed Eva non si incontrarono mai?

No, non si incontrarono, ma la ragione è piuttosto complicata e rivela una delle cose più importanti da ricordare sullo studio della storia umana con metodi genetici. Quando formiamo campioni di persone oggi in vita e ne esaminiamo il DNA alla ricerca di indizi sul loro passato, ne studiamo let-

teralmente la genealogia: la storia dei loro geni. Come abbiamo visto, le persone ereditano i geni dai loro genitori, cosicché lo studio della storia genetica è anche uno studio della storia delle persone portatrici di quei geni. Infine, però, quando risaliamo nel passato per più di qualche migliaio di generazioni, ci imbattiamo in una barriera, in quanto semplicemente non c'è più variazione a fornirci risposte agli interrogativi concernenti la storia molto remota. Una volta raggiunto questo punto, la variazione genetica umana non può dirci nient'altro sui nostri progenitori. Le varie linee evolutive dell'uomo attuale convergono in passato in un'unica entità genetica – « Adamo » nel caso del cromosoma Y ed « Eva » nel caso del DNA mitocondriale – che esistette per un periodo di tempo inconoscibile in passato. Benché essi siano stati persone reali vissute in quel tempo – il comune progenitore o progenitrice di tutti gli uomini o le donne oggi in vita –, noi non possiamo più usare metodi genetici per procurarci informazioni significative sui *loro* progenitori. Possiamo porci domande sulle relazioni fra Adamo ed Eva e altre specie (gli esseri umani, come specie, hanno un rapporto più stretto con lo scimpanzé o con lo storione?), ma non possiamo dire nulla su ciò che accadde alla linea genealogica dell'uomo prima del punto d'incontro nel passato, il luogo d'origine delle linee evolutive che arrivano fino a noi. Al rasoio di Occam non è più rimasto nulla da tagliare.

Tutto questo significa, in riferimento alla datazione dell'origine delle linee evolutive del cromosoma Y, che le date proposte hanno ben poco significato, oltre a situare tutti gli esseri umani moderni in Africa entro gli ultimi 200.000 anni, confutando quindi il modello multiregionale dell'evoluzione umana sostenuto da Coon e da altri. Esse non rappresentano la data d'origine della nostra specie, altrimenti Eva avrebbe dovuto attendere un tempo *molto lungo* prima che apparisse Adamo, bensì rappresentano semplicemente il tempo in cui, procedendo a ritroso nel passato, cessiamo di osservare una diversità genetica nelle linee evolutive del

nostro DNA mitocondriale e del nostro cromosoma Y. Poiché il DNA mitocondriale e il cromosoma Y sono parti del tutto indipendenti del nostro corredo genetico, non è forse molto sorprendente che le radici della linea maschile e di quella femminile si collochino in due date diverse. I tuoi genitori, per esempio, sono nati per caso lo stesso giorno? Inoltre, le stime delle date genetiche – come quelle di date archeologiche – implicano assunti su popolazioni del passato che potrebbero non essere del tutto accurati, e quindi il nostro calcolo dell'età di Adamo ci fornisce un ventaglio di età piuttosto ampio, fra 40.000 e 140.000 anni, con la data di 59.000 anni come la più *probabile*. Come vedremo nel capitolo 8, la differenza di età fra Eva e Adamo è maggiore di quella che potremmo attenderci per caso, ed è probabilmente il risultato di migliaia di anni di politica sessuale. Essa non è però indicativa di alcuna profonda incertezza sull'evoluzione umana. Se ci riferiamo di nuovo al nostro soggiorno in Provenza, gli uomini semplicemente hanno perso le loro ricette della zuppa di pesce più rapidamente delle donne.

Il punto principale che dobbiamo inferire dalle nostre stime dell'età dei punti d'inizio delle due linee genealogiche – Adamo ed Eva – è quindi che nessun essere umano moderno è vissuto fuori dell'Africa prima della data più recente che possiamo stimare. Poiché la data fornitaci dal cromosoma Y è posteriore a quella ricavata dal DNA mitocondriale, ciò significa che l'uomo moderno non uscì dall'Africa prima di 60.000 anni fa. È questa la vera sorpresa: 60.000 anni fa può non sembrare una data molto recente, ma dobbiamo tenere presente che qui ci stiamo occupando di date alla scala dell'evoluzione. Le scimmie antropomorfe sono apparse per la prima volta nella documentazione fossile circa 23 milioni di anni fa: una durata di tempo immensa, difficile da immaginare. Se però la comprimiamo in un anno, questo stratagemma può aiutarci a mettere in prospettiva le altre date. Immaginiamo, quindi, che le scimmie antropomorfe facciano la loro apparizione a capodanno. In tal caso i nostri primi

progenitori ominidi capaci di camminare eretti – in realtà i primi pitecantropi – farebbero la loro apparizione intorno alla fine di ottobre. L'*Homo erectus*, che lasciò l'Africa circa 2 milioni di anni fa, apparirebbe all'inizio di dicembre. Quanto agli esseri umani moderni, non dovrebbero essere apparsi prima del 28 dicembre, e non avrebbero lasciato l'Africa prima dell'ultimo giorno dell'anno! In un batter di ciglio evoluzionistico, in un semplice istante nella storia della vita sul nostro pianeta, l'uomo moderno è uscito dall'Africa e ha colonizzato il mondo.

Essendo questa una data molto recente, possiamo ancora vedere tracce di quei primi esseri umani moderni negli africani di oggi?

L'importanza del click

Una delle cose più interessanti che si ricavano dall'analisi del cromosoma Y è la distribuzione della diversità in Africa, vista nella suddivisione di antiche linee genetiche nel continente. Benché tutte le popolazioni africane contengano linee evolutive più antiche di quelle che si trovano fuori del continente, alcune popolazioni conservano tracce di linee evolutive antichissime. Questi gruppi si trovano oggi in Etiopia, in Sudan e in alcune parti dell'Africa orientale e australe, e il segnale genetico che contengono è una prova molto buona del fatto che essi sono i resti di una delle popolazioni umane più antiche. Questi segnali sono andati perduti in altri gruppi, ma queste popolazioni dell'Africa orientale e australe presentano ancor oggi un legame diretto con il punto d'unione di tutti i polimorfismi: Adamo.

L'area occupata da queste popolazioni comprende la Rift Valley, che si estende nell'Africa sudoccidentale, dove popolazioni note come i san (chiamati in precedenza boscimani) presentano un segnale molto forte della diversità che caratterizzò le popolazioni umane più antiche. Essi parlano una del-

le lingue più strane del nostro pianeta, notevole per l'uso dei cosiddetti suoni avulsivi o click come parti integranti di parole (i click assomigliano agli schiocchi di lingua che facciamo quando guidiamo un cavallo, o imitiamo un rubinetto che sgocciola). Nessun'altra lingua al mondo usa i click nella costruzione regolare delle parole, e questa bizzarria ha ispirato i linguisti a studiare la famiglia linguistica san già da un paio di secoli, quando gli europei colonizzarono per la prima volta l'Africa australe. Le lingue di questa famiglia sono incredibilmente complicate. Due terzi delle lingue del mondo hanno da venti a quaranta suoni distinguibili (ad alcune vocali e consonanti corrisponde più di un suono), mentre la lingua !xu, del gruppo san, ne ha 141 (il «!» nella lingua !xu suona un po' come lo schiocco che si produce quando si apre una bottiglia). Anche se non si sa esattamente quali forze governino l'acquisizione della diversità linguistica, questo numero suggerisce senza dubbio una storia alquanto antica, nello stesso modo in cui la diversità genetica si accumula maggiormente su periodi di tempo più lunghi.

Il modo di distribuzione delle antiche linee genetiche fra i san si ritrova anche nel DNA mitocondriale, e la convergenza di queste tre linee di prove indipendenti – cromosoma Y, mtDNA e linguistica – suggerisce con forza che i san rappresentino una connessione diretta con i nostri progenitori umani più antichi. Ciò significa forse che la nostra specie ha avuto origine nell'Africa australe anziché nella Rift Valley? Non necessariamente, anche se l'importanza dei nostri progenitori ominidi dell'Africa australe è cresciuta in anni recenti, e oggi alcuni paleoantropologi sostengono un'origine australe. Quel che è chiaro è che la distribuzione attuale della popolazione san corrisponde solo a una piccola frazione della sua diffusione storica, e materiali scheletrici classificati come simili ai san sono stati riportati alla luce in siti paleolitici in Somalia e in Etiopia. Alcune fra le prove moderne più chiare vengono di nuovo dalla linguistica. Fuori dell'Africa australe, l'unico altro luogo in cui si parlino lingue con i

click è l'Africa orientale. Gli hadza e i sandawe della Tanzania parlano lingue con click molto divergenti, fornendo la prova di una famiglia linguistica un tempo ampia che si estendeva dalla Rift Valley alla Namibia. È probabile che a questa distribuzione continua si siano sovrapposte recentemente migrazioni dall'Africa centrale di popolazioni di lingua bantu, che negli ultimi duemila anni si sono diffuse su gran parte dell'Africa orientale e meridionale. Prima dell'arrivo dei bantu, però, pare che l'Africa australe e orientale sia stata popolata prevalentemente dai san.

Faccia a faccia

Uno dei caratteri distintivi dei popoli san è il loro aspetto fisico « non africano ». Ovviamente in Africa c'è un'immensa varietà di aspetti fisici, e qualsiasi tentativo di classificare le popolazioni secondo un tipo africano o non africano è privo di senso. I più, quando si parla di africani, tendono a pensare ai caratteri tipicamente bantu dei centroafricani, nonché (attraverso la tratta degli schiavi praticata dagli europei) a quelli degli afroamericani e degli afrocaraibici. I san sono una popolazione di statura molto minore, dalla pelle più chiara, capelli più crespi e uno strato di pelle più spesso sopra gli occhi: il cosiddetto epicanto o piega epicantica, che caratterizza anche alcune popolazioni asiatiche. Quest'ultimo carattere ha indotto alcuni ricercatori a suggerire che la piega epicantica sia un carattere ancestrale della nostra specie, e che sia semplicemente andato perduto nei popoli dell'Eurasia occidentale e nelle popolazioni bantu. Questa ipotesi è destinata a rimanere puramente speculativa fino a quando non si sarà decifrata la base genetica della piega epicantica, ma è senza dubbio in accordo con la prova fornita dalla sua presenza nei san. I san ci forniscono dunque un indizio importante sui nostri progenitori vissuti al tempo del nostro Adamo genetico?

È difficile immaginare quale possa essere stato l'aspetto dei nostri comuni progenitori, maschio e femmina. Noi possiamo fare solo delle congetture, fondate sulle diversità che osserviamo oggi nelle popolazioni umane e su quanto comprendiamo dei processi dell'evoluzione morfologica umana. In tal senso, questa è una situazione simile a quella di qualsiasi scienza storica, nella quale fondiamo la nostra comprensione di un evento ignoto del passato sugli indizi oggi esistenti, sfrondando decisamente la complessità col rasoio di Occam del principio di economia. Purtroppo non abbiamo alcun modo reale per valutare la precisione delle nostre ipotesi, cosicché alcune di esse dovranno essere accettate sulla fiducia.

È improbabile che i nostri predecessori africani fossero i pelosi e brutali trogloditi che vediamo ritratti nei musei: essi risentono probabilmente in misura eccessiva dell'idea che ci siamo fatti dei neandertaliani, che potrebbero essere stati davvero conformi a quell'immagine. I nostri predecessori potrebbero essere invece stati piuttosto gracili ed eleganti, almeno al confronto con i neandertaliani. La semplice ragione è che la poderosa massa corporea dei neandertaliani e probabilmente anche la loro pelosità potrebbero essere state un adattamento al freddo clima eurasiatico. I nostri progenitori più antichi, vivendo nei climi relativamente caldi dell'Africa australe e orientale, non avrebbero avuto bisogno del calore fornito da un rivestimento peloso.

Essi avevano probabilmente la piega epicantica. Anche se questo carattere potrebbe avere avuto origine due volte, indipendentemente, in parti diverse del mondo, è più probabile che fosse un carattere comune ai nostri progenitori più antichi, andato poi semplicemente perduto nelle linee evolutive che condussero alle popolazioni dell'Eurasia centrale e occidentale. È noto anche che la piega epicantica ha origine ogni volta in modo indipendente in ogni caso di sindrome di Down, cosicché è forse relativamente facile che si formi. È

però comunque una buona ipotesi di lavoro considerarla un carattere ancestrale.

Gli uomini antichi avevano probabilmente la pelle piuttosto scura a causa dell'ambiente in cui vivevano: una savana africana assolata, in cui la protezione contro la radiazione solare fornita dalla pelle scura doveva rappresentare un vantaggio consistente; e perché almeno alcune delle mutazioni che producono il colore chiaro della pelle, negli europei e nelle popolazioni del nord-est asiatico, sono derivate dalla forma ancestrale, più scura, del gene (noto come *MC1R*, o *recettore della melanocortina 1*), che è virtualmente l'unica forma esistente in Africa oggi. Pare quindi probabile che gli africani abbiano conservato un colore della pelle più scuro, piuttosto che evolverlo da una forma più chiara.

È probabile che i nostri progenitori di 60.000 anni fa avessero press'a poco la nostra statura, anche se questa frase non ha in realtà molto senso. La statura media dell'uomo moderno presenta una grande varietà in tutto il mondo. Gli olandesi sono la popolazione più alta in Europa: i giovani maschi hanno, in media, una statura superiore a 1,83 metri, mentre le donne sono più basse di vari centimetri. I giapponesi sono un po' più bassi: la statura media degli uomini è di 1,70 m. Notevolmente più bassi sono i pigmei twa dell'Africa centrale: i maschi misurano in media solo 1,50 m. Questa variazione in statura riflette probabilmente degli adattamenti agli ambienti locali, che si possono osservare anche nei nostri antenati *Homo erectus* e *Homo ergaster*.

L'immagine che emerge è quindi quella di una persona di pelle scura (anche se forse non così scura come quella di alcuni africani di oggi), ragionevolmente alta, e piuttosto sottile, dotata forse della piega epicantica. Una persona che probabilmente non ci sembrerebbe strana se indossasse oggi un abito completo e fosse seduta davanti a noi in treno. Penso che la cosa non dovrebbe sorprenderci, dato che visse solo 2500 generazioni fa circa.

Fuori dal nido

Se accettiamo i dati nel loro valore più diretto, possiamo inferirne che Adamo sia vissuto in gruppi di popolazioni direttamente ancestrali ai san moderni, nell'Africa orientale e/o australe, attorno a 60.000 anni fa. La data d'origine delle più antiche fra le popolazioni umane moderne – le prime della nostra specie – rimane da stimare e potrebbe essere compresa fra 60.000 e varie centinaia di migliaia di anni fa. Il fatto è che noi perdiamo il segnale fornitoci dai nostri geni in corrispondenza di quella data di 60.000 anni fa, alla quale tutta la diversità genetica oggi esistente si fonde in un unico progenitore. Tutto ciò che i dati chiaramente implicano è che l'intera diversità genetica umana esistente in tutto il mondo era presente in Africa intorno a 60.000 anni fa. Il DNA mitocondriale e il cromosoma Y ci forniscono le stesse date per le linee genetiche non africane più antiche, e oggi la maggior parte dei genetisti concorda sulla tesi che gli esseri umani cominciarono a lasciare l'Africa intorno a quest'epoca. Prima di questa data potrebbero esserci state incursioni occasionali in Medio Oriente, come ci suggeriscono resti umani di 100.000 anni di età in siti come Qafzeh e Skuhl nell'attuale Israele, ma il Levante di 100.000-150.000 anni fa era essenzialmente un'estensione dell'Africa nordorientale, e faceva probabilmente parte dell'area di diffusione originaria dell'antico *Homo sapiens.* La vera espansione fu quella oltre il mondo mediterraneo, nel territorio ignoto dell'Asia propriamente detta.

Qui ci imbattiamo in una questione spinosa, che gli australiani potrebbero chiamare «*a curly one*». Secondo i resti datati in Australia, degli esseri umani erano presenti qui, a una distanza di 15.000 chilometri a est dell'Africa, percorrendo la via di terra più breve, nello stesso periodo in cui molti suppongono che fossero tutti presenti in Africa, ossia 50-60.000 anni fa. Se fossi soggetto ad attacchi di misticismo, potrei inferirne che i progenitori degli aborigeni aves-

sero imparato a « piegare lo spazio », come scrisse Frank Herbert nel romanzo di fantascienza *Dune.* Avendo invece (ragionevolmente) un solido fondamento nel mondo pragmatico e razionale della scienza, sono costretto a cercarne altrove le ragioni.

4

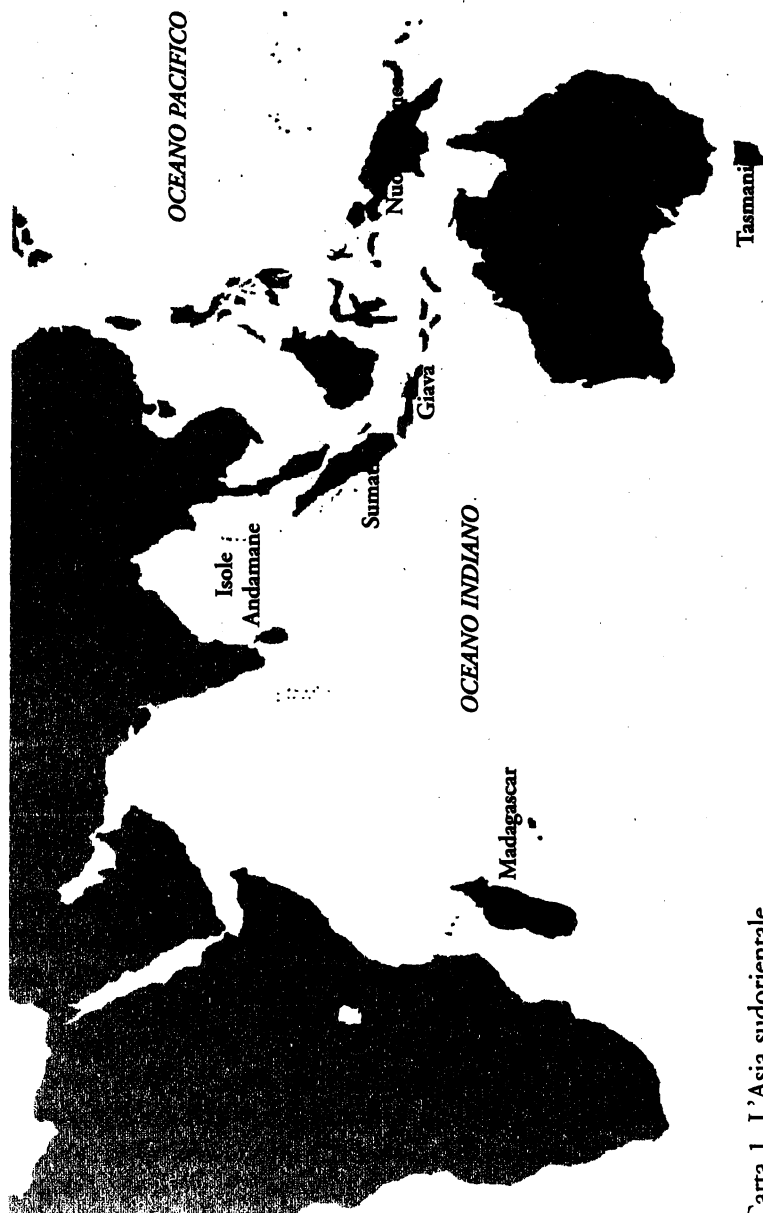
SEGUENDO LE COSTE

> Accadde così che quel primo mattino ogni Antenato dormiente sentisse il calore del Sole premere sulle proprie palpebre, e il proprio corpo che generava dei figli. L'Uomo Serpente sentì i serpenti strisciargli fuori dell'ombelico. L'Uomo Cacatua sentì le piume. L'Uomo Bruco sentì una contorsione, la Formica del Miele un prurito, il Caprifoglio sentì schiudersi foglie e fiori. L'Uomo Bandicoot sentì piccoli bandicoot che fremevano sotto le sue ascelle. Ogni « essere vivente », ciascuno nel suo diverso luogo di nascita, salì a raggiungere la luce del giorno.
>
> Bruce Chatwin, *Le vie dei canti*[1]

Quando ero bambino, i miei amici e io eravamo soliti fare un gioco a domande, in cui ci tendevamo a vicenda dei tranelli per dimostrare la nostra superiorità nella conoscenza di fatti poco noti. Una delle domande favorite era quella di chiedere il nome dell'isola più grande del mondo. La risposta ingenua era « l'Australia », la quale suscitava sempre un mormorio di disapprovazione. Questo perché l'Australia, come sapevano i mormoratori, non è semplicemente una grande isola, ma è una massa continentale, parte integrante del continente dell'Australasia.[2] Abbracciando Australia, Nuova Zelanda, Tasmania, Nuova Guinea e varie fra le isole indonesiane più orientali, l'Australasia è un caso a sé nelle gare mnemoniche di geografia. E per di più è anche un continente molto strano.

L'Australia attuale è il subcontinente più arido sulla faccia

della Terra: più del 90 per cento della sua superficie riceve meno di un millimetro di pioggia all'anno. Anche in risposta alla difficoltà ambientale di vivere in un luogo del genere, l'Australia è la nazione più urbanizzata del mondo moderno, col 90 per cento della sua popolazione insediato nelle città lungo la costa. Essa vanta la più lunga barriera corallina continua del pianeta, l'imponente Grande Barriera Corallina, lunga ben 2000 chilometri. La cosa forse più interessante sull'Australia è però la sua particolare fauna. Gli animali australiani sono diversi da quelli di qualsiasi altra parte del pianeta; qualche animale simile si trova solo in Nuova Guinea, che fa parte anch'essa dell'Australasia. La ragione di quest'unicità va ricercata nell'isolamento estremo del luogo. Chiunque abbia fatto il volo di due notti da Londra a Sydney può testimoniare quanto sia difficile arrivarvi. A causa dei capricci della tettonica a placche, negli ultimi cento milioni di anni circa l'Australia è rimasta isolata dai continenti dell'Eurasia, delle Americhe e dell'Africa: la sua connessione più recente è stata quella con l'Antartide! In conseguenza di questo lungo isolamento, l'Australia è stata tagliata fuori dalla linea principale dell'evoluzione dei mammiferi, con la sua ricchezza di specie placentali. La mancanza di mammiferi « normali » ha permesso all'evoluzione di seguirvi una via diversa, producendo organismi strani come l'ornitorinco e il canguro. Un'altra conseguenza è stata che, fino a poco tempo fa, l'Australasia non ha avuto primati: niente scimmie, nemmeno un galagone. L'uomo è l'unica specie di primati su questo continente.

La mancanza di antecedenti evoluzionistici comporta che gli esseri umani devono avere colonizzato l'Australia provenendo da qualche altro luogo. Ma da dove? L'arrivo in Australia comportò chiaramente un lungo viaggio per mare, anche se fossero partiti dal continente più vicino. Se teniamo conto delle variazioni del livello del mare in conseguenza di oscillazioni climatiche, la massa continentale del Sahul (comprendente Nuova Guinea e Tasmania oltre all'Austra-

Carta 1. L'Asia sudorientale.

lia), che si formò durante la parte più fredda dell'ultima epoca glaciale, circa 20.000 anni fa, doveva distare ancora circa 100 chilometri dal resto dell'Asia sudorientale. La risposta alla domanda di quando e come l'Australia fu colonizzata dall'uomo è uno dei punti chiave nel nostro sforzo per risolvere il puzzle di come l'uomo moderno ha colonizzato il mondo. I dettagli che rivelerà sulla storia umana – e i metodi di analisi applicati per ricostruirla – fisseranno un modello anche per il resto del viaggio.

Morte e decadimento

Il lago Mungo, nel Nuovo Galles del Sud, si trova un migliaio di chilometri a ovest di Sydney. Si raggiunge dalla città con aeroporto più vicina, Mildura, percorrendo una strada sterrata lunga 120 km che attraversa il deserto infuocato, nel quale crescono solo stentati arbusti. Il Mungo non è più un lago – l'acqua si è prosciugata più di 10.000 anni fa, lasciando fantastiche costruzioni di sabbia e argilla che ricordano quelle del lago Mono, nella California settentrionale –, ma fra 45.000 e 20.000 anni fa fece parte di un'oasi lussureggiante nota come i laghi Willandra. Questi laghi erano alimentati dal Willandra Creek, un torrente che si immetteva nel fiume Murray più a sud, per gettarsi infine nell'Encounter Bay, in prossimità dell'attuale Adelaide. I resti animali trovati in questo sito ci rivelano che intorno ai laghi vivevano varie specie di marsupiali di grossa taglia oggi estinti, fra cui lo *Zygomaturus*, grande quanto un bisonte, e un canguro dal muso corto, dal peso di due quintali, il *Procoptodon*. Tutti gli animali che vivevano in quest'area erano erbivori, e dovevano essere prede interessanti per gli esseri umani.

Intorno alla metà dell'epoca indicata, secondo dati acquisiti di recente, fu sepolto in quest'area un essere umano. Chiamato Mungo 3 dal suo scopritore, Jim Bowler, il reperto fu datato all'epoca della scoperta, avvenuta nel 1974, in-

torno a 30.000 anni fa. Metodi di datazione più recenti hanno spostato l'epoca a circa 45.000 anni fa, e artefatti umani estratti dagli strati sedimentari sottostanti al reperto suggeriscono date risalenti anche a 60.000 anni fa. Queste date, se fossero confermate, farebbero di Mungo il sito extra-africano più antico abitato da esseri umani anatomicamente moderni.

I più antichi resti umani fossili in Australia, come quelli trovati altrove nel mondo, sono stati datati usando il decadimento di isotopi radioattivi. Questi procedimenti operano misurando i rapporti fra i diversi isotopi di un atomo presenti nel campione. La cosa è possibile in quanto quasi tutti gli atomi sono presenti in natura in un numero di varietà («isotopi») più o meno grande a seconda del numero di neutroni che hanno. Attraverso l'alchimia della fisica delle particelle, gli atomi «più pesanti» tendono a emettere nel corso del tempo una parte delle loro particelle, trasformandosi in atomi più leggeri. Conoscendo il ritmo di questo decadimento, e misurando il rapporto tra gli isotopi più pesanti e quelli più leggeri, è possibile calcolare da quanto tempo è in corso il decadimento. Come l'orologio molecolare discusso nel capitolo 2, quest'orologio atomico fornisce stime di tempo decisive per lo studio degli antichi resti umani.

La forma di datazione isotopica più usata è il cosiddetto metodo del radiocarbonio, che misura il rapporto tra il carbonio-14 (C-14) e il carbonio-12 (C-12) nel campione. Il C-14, attraverso un'interazione complessa con l'atmosfera, si scompone in azoto-14 (N-14). Il ritmo del decadimento dipende dal cosiddetto periodo di dimezzamento del C-14, che è la quantità di tempo richiesta per il decadimento di metà del C-14 contenuto in un campione, ossia circa 5700 anni. Poiché il carbonio viene usato nella costruzione di molecole organiche, come quelle che si trovano in tessuti vegetali e animali, questo metodo è utilissimo nella datazione di resti umani. Il problema è che oltre la soglia dei 40.000 anni le stime del rapporto C-14/C-12 non sono più molto esatte, dato che la maggior parte del C-14 è or-

mai decaduta. Dopo 5700 anni è ancora presente metà circa del C-14 incorporato nel tessuto in origine, cioè quando l'organismo era in vita, e dopo 11.400 anni ne rimane ancora solo un quarto. Dopo 40.000 anni rimane solo 1/64, ossia meno del 2 per cento, del C-14 originario. La contaminazione del campione a opera di quantità anche modeste di materiale moderno farebbe apparire il campione molto più recente di quanto non sia in realtà. Perciò la datazione al radiocarbonio tende a essere più utile per i resti di meno di 30.000 anni, ed è il metodo di gran lunga preferibile per i siti archeologici degli ultimi 10.000 anni, periodo per il quale è estremamente esatta.

Oltre i 40.000 anni, si devono perciò usare isotopi che decadono più lentamente. Due di questi sono il potassio-40 (K-40) e l'uranio-238, che hanno un periodo di dimezzamento, rispettivamente, di 1,25 e di 4 miliardi di anni. Il problema, nel caso di questi isotopi più stabili, è che di solito non si trovano nelle pietre e nelle ossa stesse, e perciò il metodo può essere eventualmente applicato solo ai sedimenti che circondano i resti; di solito ceneri vulcaniche nel caso di pietre, e sedimenti lacustri nel caso di ossa. Per poter usare utilmente questi metodi si dev'essere perciò molto fortunati nella scelta dei siti. Per fortuna l'attività geologica della Rift Valley africana ha permesso una vasta applicazione del metodo del K-40.

Ma che cosa succede se non si è così fortunati? In particolare, se i resti da datare sono troppo antichi per permettere la datazione al radiocarbonio, ma non sono stati trovati in sedimenti che permettano di usare gli altri metodi? In questo caso dobbiamo fare affidamento su una collezione di tre tecniche relativamente nuove nell'arsenale isotopico, tre tecniche che tendono a metterci in soggezione con i loro nomi altisonanti di termoluminescenza, luminescenza stimolata otticamente e risonanza dello spin elettronico. Tutt'e tre si fondano sull'osservazione che la radiazione naturale fa accumulare gli elettroni – un altro tipo di particella subatomica –

in piccoli difetti cristallini in una sostanza. Quest'accumulazione ha luogo a un ritmo costante, dipendente dal livello dell'esposizione a una sorgente di radiazione capace di spostarli, come il fuoco o la luce solare. Ci sono molti assunti sulla misura in cui gli elettroni si sono accumulati nei difetti, noti come «trappole», prima di essere esposti alla fonte di radiazione ripulente, così come ci sono assunti sulla variabilità dell'esposizione alla radiazione nel corso del tempo. Per queste ragioni, le date ottenute usando i metodi di luminescenza e di risonanza non sono altrettanto esatte di quelle ottenute con i metodi del C-14 o del K-40. Per molti siti, però, sono l'unica scelta disponibile.

Proprio queste tecniche della luminescenza e della risonanza sono state quelle maggiormente usate in Australia. In particolare, vari oggetti chiaramente prodotti da esseri umani – alcuni dei quali associati a dipinti artistici su rocce – sono stati datati a più di 40.000 anni fa. Ovviamente, data l'incertezza delle tecniche di datazione, è difficile sapere quanto siano esatte tali date. Abbiamo però conferme da altre fonti che l'uomo è presente in Australia da un tempo effettivamente molto lungo. Richard Roberts e colleghi, all'Australian National University, investigando gli strumenti relativamente grossolani usati da tali antiche popolazioni umane, hanno inferito date di anche 60.000 anni per un sito nel Territorio del Nord.

Il peso delle prove paleoantropologiche è oggi chiaramente a favore di una colonizzazione molto antica dell'Australia a opera dell'uomo moderno, forse già 60.000 anni fa. Ma i siti archeologici più antichi nel Sud-est asiatico datano a meno di 40.000 anni fa. Com'è dunque possibile che degli esseri umani siano arrivati in Australia 20.000 anni prima di tale data, visto che vi sono sicuramente arrivati provenendo dall'Asia sudorientale? Per risolvere questo enigma dovremo tornare in Africa, dove sarà necessario fare una visita al Giardino dell'Eden.

La costa e l'interno

L'Africa è il continente più equatoriale sulla Terra. La sua massa continentale è compresa fra le latitudini di 38° N e 34° S, e l'85 per cento della sua superficie si trova nella zona tropicale, fra i tropici del Cancro e del Capricorno. Fra tutti i continenti, l'Africa è l'unico in cui sono rare le temperature sotto zero al livello del mare. Benché i deserti interni del Sahara e le alte montagne vulcaniche dell'Africa orientale siano inospitali per gli esseri umani, la maggior parte del continente ha un clima sorprendentemente mite. L'Africa contiene la fascia ininterrotta di foreste più grande del Vecchio Mondo, e le savane dell'Africa orientale e australe forniscono cibo e habitat a un'immensa varietà di mammiferi di grande taglia. La combinazione, in stretta vicinanza, di foresta pluviale e savana, anch'essa unica nel Vecchio Mondo, è probabilmente una delle ragioni per cui l'uomo si è evoluto qui. La stazione eretta dell'uomo fu quasi certamente un antico adattamento alle praterie prive di alberi dell'Africa, forse già 5 milioni di anni fa, quando si potevano sfruttare più risorse lasciando la sicurezza aerea delle fitte foreste.

L'Africa non occupò sempre la posizione attuale sul globo terrestre. Attraverso le bizzarrie della tettonica a placche, spese la maggior parte del suo tempo fra 200 e 20 milioni di anni fa a migrare attorno alla parte australe dell'oceano Indiano, andando infine a urtare contro la massa continentale eurasiatica intorno a 15 milioni di anni fa. Fu a quest'epoca che le grandi scimmie antropomorfe cominciarono a disperdersi nel mondo in occasione del primo grande esodo dall'Africa. Quelle che si diressero verso est diedero origine per evoluzione, in Asia, a orang-utan e gibboni, le specie nelle quali Eugène Dubois vedeva i nostri progenitori più probabili. Le scimmie antropomorfe rimaste in Africa diedero origine agli scimpanzé e ai gorilla, e infine, probabilmente fra 100.000 e 200.000 anni fa, all'uomo anatomicamente moderno. Durante quest'intera sequenza l'Africa rimase geogra-

ficamente nella stessa posizione. Come negli altri continenti, però, nelle ultime centinaia di migliaia di anni il clima presentò oscillazioni drammatiche anche lì.

La disciplina della paleoclimatologia investiga il clima di epoche remote. Centocinquantamila anni fa la Terra si avviava alla fine della cosiddetta glaciazione del Riss. Le temperature erano più fredde in media di una decina di gradi rispetto a oggi, anche se c'erano grandi differenze fra le varie regioni di un continente. Intorno a 130.000 anni fa le temperature ricominciarono a salire, e l'Africa tropicale cominciò a ricevere più piogge, mentre il livello del mare cresceva e l'umidità rientrava nell'atmosfera. Intorno a 120.000 anni fa ebbe inizio un periodo di graduale raffreddamento, che accelerò a partire da 70.000 anni fa. Questo modello sarebbe continuato (con fluttuazioni a breve termine) nei successivi 50.000 anni, toccando il suo punto più basso circa 20.000 anni fa.

Poiché l'Africa è un continente in gran parte tropicale, il suo clima dipende meno di quello degli altri continenti dalla variazione dell'intensità della radiazione solare, che produce le stagioni alle latitudini superiori. La meteorologia africana è determinata in gran parte dalla distribuzione delle piogge nel corso dell'anno, con spiccate stagioni umide e secche che fissano il ritmo della vita nell'intero continente. La famosa migrazione degli gnu in Kenya e in Tanzania, per esempio, è innescata dall'inizio della stagione secca in giugno. Le stagioni non hanno però avuto sempre la stessa intensità, producendo un clima che, in passato, è stato a volte più umido e a volte più secco di quanto non sia oggi. Le fluttuazioni a lungo termine hanno quasi certamente influito sui movimenti degli animali, compresi gli esseri umani.

Ricerche recenti di Robert Walter, un geofisico americano che risiede attualmente in Messico, suggeriscono che un inaridimento su grande scala del continente africano all'inizio dell'ultima epoca glaciale condusse gli esseri umani a preferire gli ambienti costieri. Ciò dipese dalle caratteristiche insolite delle savane. Esse sono strettamente connesse alle fore-

ste tropicali nella catena dei rapporti climatici, e le due zone dipendono intercambiabilmente dal livello delle precipitazioni. In generale, le aree dell'Africa tropicale con più di tre mesi di bassa piovosità sono savane, mentre quelle con meno di tre sono ricoperte da foreste. In periodi di siccità decisamente più lunghi, la savana si degrada in steppa, e infine in deserto quando l'umidità diventa estremamente scarsa. Benché queste aree si trovino tutte in regioni ben precise dell'Africa, la loro estensione ha presentato in passato grandi oscillazioni. Quel che suggerisce la ricerca di Walter è che, quando l'Africa cominciò a inaridirsi, le savane dell'Africa orientale furono sostituite da steppe e deserti, tranne che in una fascia ristretta in prossimità della costa. Fu in questi ambienti costieri di savana che dovettero raccogliersi gli uomini antichi, sfruttando le risorse alimentari del mare, nonché gli animali terrestri delle zone vicine.

Anche se l'universalità di questa teoria è tutt'altro che certa, e se la situazione appena prospettata potrebbe risultare solo un aspetto marginale dell'evoluzione umana, una cosa è chiara: esiste una prova incontrovertibile che già gli uomini più antichi furono in grado di vivere sfruttando le risorse del mare. In Eritrea, nel Corno d'Africa, sono stati trovati grandi cumuli di conchiglie di molluschi bivalvi (fra cui ostriche) risalenti a circa 125.000 anni fa. Fra le conchiglie sono stati trovati anche utensili in pietra, a dimostrazione del fatto che in questa regione vivevano degli esseri umani e che sfruttavano risorse costiere. La presenza di resti di rinoceronti, elefanti e altri grandi mammiferi macellati evoca banchetti preistorici, che ricordano i grandi piatti di bistecche e frutti di mare serviti in certi ristoranti americani. Pare che i nostri lontani progenitori avessero già un palato ben sviluppato, anche in tempi chiaramente difficili.

Uno dei dettagli più interessanti emergenti dalle ricerche di Walter è che pare ci siano stati scambi con abitanti delle coste del Sudafrica, a migliaia di chilometri di distanza, che stavano sfruttando gli stessi tipi di risorse. Questi scambi so-

no suggeriti dalla somiglianza degli utensili trovati nei siti, associati a date press'a poco contemporanee. Pare che gli esseri umani siano stati in grado di migrare su lunghe distanze, con relativa rapidità, seguendo le coste dell'Africa orientale.

E ora il grande balzo: se gli esseri umani erano in grado di migrare su lunghe distanze all'interno di un continente, perché mai non avrebbero potuto, usando le stesse tecnologie e sfruttando le stesse risorse, migrare da un continente a un altro? La via costiera sarebbe stata una sorta di superautostrada preistorica, consentendo un alto livello di mobilità senza richiedere i complessi adattamenti a nuovi ambienti che sarebbero stati necessari se si fosse seguito un itinerario interno. Le risorse sfruttate in Eritrea dovevano essere press'a poco quelle esistenti sulle coste dell'Arabia, o dell'India occidentale, o dell'Asia sudorientale, o anche dell'Australia. E grazie alla facilità di movimento permessa dalle coste, l'autostrada di sabbia che circumnavigava i continenti, erano possibili migrazioni relativamente rapide. Non c'erano catene di montagne da valicare o grandi deserti da attraversare, né alcun bisogno di sviluppare nuovi armamentari di utensili o indumenti protettivi, né drastiche fluttuazioni nella disponibilità di cibo. In generale, la via costiera sembrava infinitamente preferibile a qualsiasi via che passasse nell'interno. C'erano solo un paio di tratti di acqua aperta che avrebbero richiesto un'imbarcazione per passare dall'altra parte. Con la massima probabilità, queste imbarcazioni devono essere state piuttosto semplici – forse solo pochi tronchi legati insieme –, ma non abbiamo alcuna prova diretta in proposito, poiché il legno si disintegra molto rapidamente. Tuttavia quegli uomini riuscirono a passare di là.

È chiaramente plausibile che la presenza di esseri umani in Australia già in epoca molto antica, quasi immediatamente dopo avere lasciato l'Africa, possa essere spiegata per mezzo di una migrazione lungo questa via costiera, percorrendo il litorale sud dell'Asia. Rimangono però da valutare due pezzi restanti del puzzle, che in effetti sono piuttosto critici. Se

una delle antiche migrazioni in uscita dall'Africa seguì una via costiera, non c'è una qualche particolarità genetica che possa documentarla in modo eloquente? Dipende dal modo in cui la migrazione ebbe luogo e da ciò che le popolazioni migranti fecero lungo la via. Potremmo attenderci di vedere un gruppo di portatori di particolari marcatori genetici lungo la costa, differenziato rispetto alle popolazioni che vivevano più nell'interno. O forse i rapporti fra i discendenti degli abitanti delle coste e coloro che erano migrati nell'interno favorirono in seguito un'omogeneizzazione dei segnali. L'unico modo per accertarlo è quello di esaminare popolazioni lungo la via e vedere quale sia la loro configurazione genetica. La seconda prova importante potrebbe venire dai resti archeologici raccolti lungo la via: tali resti concordano con l'ipotesi di questo viaggio?

M & M

Il DNA mitocondriale e il cromosoma Y, come abbiamo visto in precedenza, svelano linee evolutive più antiche in Africa che in altri continenti. Qual è il reale significato di questa scoperta? Se immaginiamo le relazioni genetiche della diversità mitocondriale moderna come un albero vero – per esempio una grande quercia –, la radice, il tronco e i rami più vicini al suolo si trovano tutti nelle popolazioni africane. Questi rami sono spuntati per primi mentre l'albero stava crescendo e perciò sono i più antichi. Ciò significa che l'albero ha cominciato a crescere in Africa. Mentre saliamo su per il tronco, cominciano ad apparire rami che si trovano solo in non africani: essi si sono formati successivamente. Quanto in alto dobbiamo salire prima di trovare i non africani? La risposta è: parecchio. Se l'albero cominciò a crescere 150.000 anni fa – l'età delle sue radici –, i rami non africani sono molto più vicini alla cima, e non possono avere più di 60.000 anni. La maggior parte dell'evoluzione umana ha

avuto luogo in Africa, cosicché è giusto che la maggior parte della diversità si trovi su questo continente. La maggior parte dei rami di quest'albero si trova solo in africani.

La bellezza dei dati genetici sta nel fatto che essi ci forniscono una progressione chiara, per fasi, del passaggio dall'Africa all'Eurasia e alle Americhe. La diversità che troviamo nel mondo è suddivisa in unità discrete, anche se connesse, definite da marcatori: i discendenti di antichi eventi di mutazione. Distribuendo questi marcatori come bandierine sulla carta del mondo, possiamo inferirne i dettagli di migrazioni che hanno avuto luogo in passato. Seguendo l'ordine in cui hanno avuto luogo le mutazioni, e stimando la data e qualsiasi dettaglio demografico (come i collassi o le espansioni di popolazioni), possiamo acquisire una percezione più o meno chiara dei dettagli del viaggio. E la prima prova ci viene da un uomo che subì una mutazione casuale piuttosto importante sul suo cromosoma Y fra 31.000 e 79.000 anni fa. Quest'individuo è stato chiamato, piuttosto prosaicamente, M168. Più evocativamente, potrebbe essere considerato l'Adamo eurasiatico, il bis... bis... bisnonno di tutti i non africani oggi viventi. I viaggi compiuti dai suoi figli e nipoti definirono il corso successivo della storia umana.

È forse sorprendente che la prova più chiara circa la via seguita dai nostri progenitori nella loro migrazione dall'Africa ci venga fornita dal cromosoma Y: non è forse vero che gli uomini tendono a disseminare il più possibile la loro semenza, causando la dispersione dei segnali genetici regionali? Abbastanza stranamente, non è così: la rapida perdita delle antiche ricette della zuppa di pesce nella linea maschile (di cui ci siamo serviti per spiegare la data recente di Adamo) significa che gli uomini che vivono in un'area particolare tendono a condividere un progenitore comune recente, fornendoci chiare « impronte digitali » di particolari regioni geografiche. Ciò significa che è il cromosoma Y a fornirci la prova più chiara dei viaggi fatti dagli esseri umani più antichi. È letteralmente un « viaggio dell'uomo » – del maschio –, ma è lo

strumento migliore che abbiamo per ricostruire i particolari del viaggio. È chiaramente importante esaminare anche la linea genealogica femminile per vedere se segue lo stesso schema – per renderci conto che il pesce, per così dire, abbia la sua bicicletta –, ma è il cromosoma Y a fornirci il distillato più chiaro della storia delle migrazioni umane.

Quando guardiamo più attentamente la disposizione dei rami sull'albero mitocondriale, troviamo che c'è uno schema simile: tutti i rami mitocondriali non africani discendono da un ramo particolare innestato sul tronco, implicante che il nostro Adamo M168 era accoppiato a un'Eva. Per fortuna questa Eva eurasiatica visse intorno a 50-60.000 anni fa, cosa che legittima l'ipotesi che lei e l'Adamo eurasiatico possano essersi incontrati. Eva è nota con il nome (anch'esso piuttosto prosaico) di L3, e le sue figlie accompagnarono i figli di M168 nel loro viaggio per popolare il mondo.

Sulla base della distribuzione attuale dei discendenti di M168 e di L3 in Africa, possiamo ipotizzare che entrambi siano vissuti nell'Africa nordorientale, nell'attuale regione dell'Etiopia e del Sudan. Come tutti gli uomini oggi esistenti, M168 condivise radici più profonde con i suoi cugini africani. La sua linea evolutiva è uno fra i rami principali che si staccano dall'albero della famiglia umana, e i ramoscelli che si innestano su di esso si trovano nel DNA di tutti gli eurasiatici di oggi, ma M168 li ricollega attraverso la sua mutazione alla radice africana della nostra specie. Nella nostra metafora dell'albero, ogni marcatore che studiamo definisce un nodo sull'albero, un punto dove un ramo si suddivide in due rami minori. Se non avessimo marcatori, a parte M168 e L3, i nostri alberi sarebbero piuttosto poveri, comprendendo una radice (Adamo ed Eva) e una divisione sull'albero, definita da M168 o L3, sul ramo che conduce fuori dall'Africa, mentre un altro ramo rimane in Africa. Per fortuna l'albero possiede una fitta chioma, definendo uno schema di crescita che traccia la carta del nostro viaggio.

Cosa interessante, sia sul ramo mitocondriale sia sul ramo

del cromosoma Y c'è un'altra ramificazione, immediatamente dopo M168 e immediatamente dopo L3, che divide la struttura del ramo eurasiatico in gruppi (*clusters*) distinti: due nel caso del DNA mitocondriale e tre nel caso del cromosoma Y.[3] Sia nel caso del cromosoma Y sia in quello del DNA mitocondriale, un gruppo è più comune dell'altro (o degli altri), spiegando il 60 per cento circa dei rami (o linee evolutive) dei non africani nel caso del DNA mitocondriale; e più del 90 per cento nel caso del cromosoma Y. In altri termini, la maggior parte dei non africani oggi esistenti ha un mtDNA e cromosomi Y appartenenti ai gruppi più numerosi: popolazioni che vivono in tutto il mondo, in luoghi così disparati come l'Europa, l'India e il Sudamerica. Le linee evolutive più rare si trovano solo in Asia, in Oceania e nelle Americhe. Sono queste linee rare a costituire la maggior parte dei tipi di DNA mitocondriale e dei tipi di cromosoma Y negli aborigeni australiani.

Il nostro raro gruppo mitocondriale ha ricevuto il nome M, come il capo di M16 nei film di James Bond. In termini biblici, Eva generò L3, e L3 generò M. Secondo una recente ricerca di Lluis Quintana-Murci, un ricercatore catalano attivo a Parigi, la distribuzione del gruppo M indica un'antica emigrazione dall'Africa, la quale procedette lungo la costa dell'Asia meridionale, raggiungendo infine l'Asia sudorientale e l'Australia. M è praticamente assente in Medio Oriente e non si trova affatto in Europa, ma costituisce il 20 per cento o più dei tipi mitocondriali presenti in India e vicino al 100 per cento di quelli presenti in Australia. Quintana stima che questo gruppo possa avere un'età di 50-60.000 anni, e dalla sua distribuzione pare che la popolazione portatrice di M non sia mai penetrata nelle regioni interne del Medio Oriente. La spiegazione più probabile è che la «popolazione M» abbia lasciato l'Africa molto presto, portando con sé il proprio tratto genetico distintivo lungo la costa meridionale del continente asiatico.

E che cosa si può dire del cromosoma Y? C'è una contro-

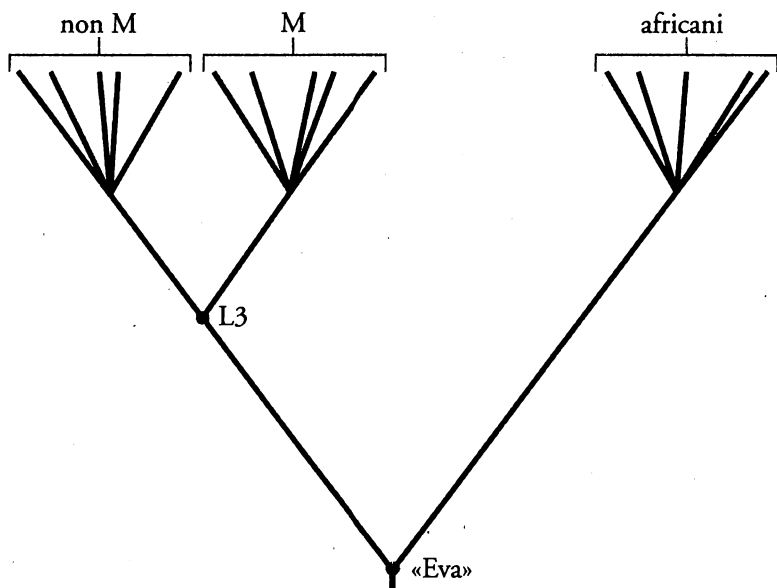



Figura 3. La genealogia del DNA mitocondriale: nel ramo delle popolazioni uscite dall'Africa si nota la ramificazione in M e non M.

parte maschile della nostra linea evolutiva mitocondriale? Per fortuna, la risposta è sì. Adottando di nuovo uno stile biblico, Adamo generò M168, e M168 generò M130. Pare che M130 abbia accompagnato l'M mitocondriale nel suo viaggio lungo la costa, e l'attuale distribuzione dei suoi discendenti ci fornisce una preziosa informazione su quel viaggio. Come le linee evolutive mitocondriali di M, i cromosomi di Y marcati da M130 sono limitati all'Asia e all'America, ma la dinamica dell'estinzione di linee evolutive che vediamo per il cromosoma Y ha lasciato una distribuzione molto più appariscente di quella che si vede per le loro controparti mitocondriali. I discendenti di M130 si trovano nel subcontinente indiano solo con una frequenza molto bassa: il 5 per cento o meno. Procedendo verso est, però, la frequenza aumenta: il 10 per cento della popolazione della Malaysia, il 15

per cento di quella della Nuova Guinea e il 60 per cento degli aborigeni australiani discendono direttamente da M130. Esiste una frequenza curiosamente alta di M130 nell'Asia nordorientale, specialmente nella Mongolia e nella Siberia orientale, la quale suggerisce una migrazione posteriore che rivisiteremo nel capitolo 7. Ai fini della nostra storia australiana, però, M130 ci fornisce una chiara impronta digitale dell'emigrazione costiera dall'Africa.

Un'altra prova suggerisce una connessione diretta fra l'Africa e l'Oceania: l'aspetto fisico. La pelle scura degli australiani ricorda quella degli africani: è un fenomeno che richiede una spiegazione. La maggior parte di coloro che vivono oggi nell'Asia sudorientale sarebbero classificati « mongoloidi », implicando così un'affinità con i popoli che vivono più

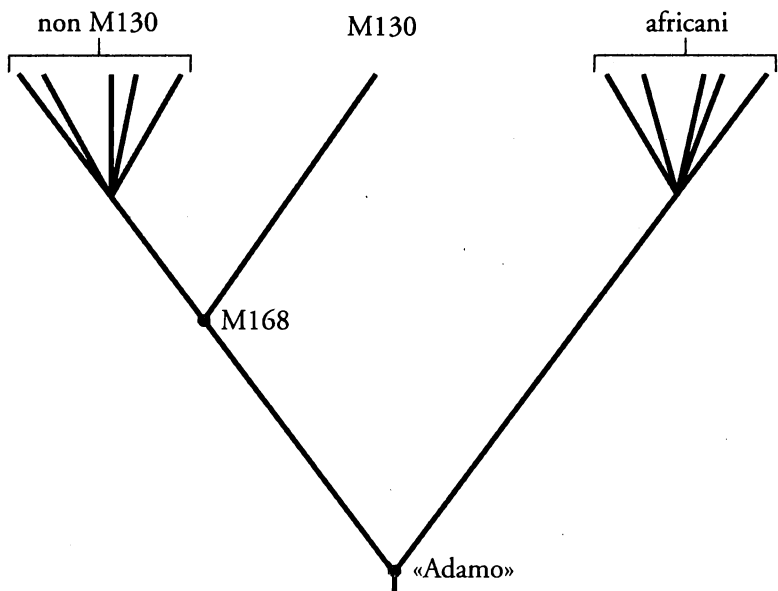



Figura 4. La genealogia del cromosoma Y: vi si osserva la ramificazione delle linee genealogiche M130 e non M130 a partire da un progenitore M168.

a nord, in Cina e in Siberia. Nell'Asia sudorientale ci sono però popolazioni isolate di cosiddetti *negritos* che assomigliano di più agli africani. Gli esempi più lampanti si trovano nelle isole Andamane, sotto la giurisdizione dell'India ma in realtà a 400 chilometri al largo della costa occidentale della Thailandia. I gruppi tribali maggiori, noti come gli onge e i jarawa, hanno molti caratteri che li avvicinano ai boscimani e ai pigmei dell'Africa, fra cui la bassa statura, la pelle scura, i capelli fortemente crespi e la piega epicantica. Altri gruppi di *negritos*, come i semang della Malaysia e gli aeta delle Filippine, si sono mescolati in misura consistente con gruppi mongoloidi e hanno un aspetto più «asiatico». Gli abitanti delle isole Andamane, probabilmente a causa del loro isolamento geografico, si sono sottratti in gran parte al rimescolamento che si è verificato sul continente. Per questo motivo sono considerati un relitto della popolazione pre-mongolica dell'Asia sudorientale, «fossili viventi» per così dire. Molti antropologi, fra cui particolarmente Peter Bellwood dell'Australian National University, hanno suggerito che più di 6000 anni fa la popolazione dell'Asia sudorientale fosse composta in gran parte di gruppi di cacciatori-raccoglitori molto simili ai moderni *negritos*. Migrazioni dall'Asia nordorientale avvenute negli ultimi millenni hanno cancellato le tracce di quegli antichi abitanti del Sud-est asiatico, tranne che nel caso di piccoli gruppi che vivono nel fitto delle foreste o – come gli andamanesi – su isole remote.

Così, tanto il cromosoma Y quanto il DNA mitocondriale tracciano un quadro chiaro di una migrazione che ha seguito un percorso costiero, dall'Africa all'Asia sudorientale, e da qui in Australia. Se prendiamo come guida i dati genetici, gruppi umani «moderni» potrebbero avere compiuto questo viaggio press'a poco all'epoca in cui i resti archeologici più antichi attestano l'occupazione umana dell'Australia. Il DNA ci ha dato un'idea del viaggio, che quasi certamente seguì la linea di costa passando per l'India. Ma ci sono tracce archeologiche di questo viaggio lungo il percorso?

Una via sommersa

Tutto questo ci riporta al problema della datazione, specialmente in riferimento ai resti australiani. In Australia non sono mai state trovate tracce di altri ominidi oltre all'*Homo sapiens*: l'*Homo erectus* non attraversò le lunghe distese di mare aperto che separano l'Australia dall'Asia sudorientale, pur essendo vissuto alla distanza di sole poche centinaia di chilometri a Giava. Poiché l'*Homo sapiens* è l'unico ominide i cui resti siano mai stati trovati in Australia, qualsiasi testimonianza di occupazione umana si riferisce inequivocabilmente alla nostra specie. Utensili litici portati in luce nell'Arnhem Land possono essere stati prodotti solo da membri della nostra specie. E se le datazioni radiometriche ci dicono che gli utensili litici erano presenti in Australia 50-60.000 anni fa, quasi subito dopo che le date genetiche ci mostrano che i nostri progenitori erano ancora in Africa, ciò significa che gli esseri umani moderni seguirono una via che permetteva movimenti molto rapidi. La via lungo le coste sembra essere stata il percorso più probabile.

Come abbiamo visto, però, lungo la via seguita da questi abitatori delle spiagge esistevano già altri ominidi. Anch'essi produssero utensili litici, che sono stati trovati nell'intera Eurasia. Il punto più orientale toccato dall'*Homo erectus* fu Giava, dove è probabile che sia sopravvissuto fino a 40-50.000 anni fa, abbastanza a lungo da incontrare gli immigranti costieri mentre attraversavano l'arcipelago indonesiano. È chiaro, però, che l'*Homo erectus* dev'essersi estinto quasi subito dopo l'arrivo dell'*Homo sapiens*, se non prima. Quel che è incerto è se siamo stati noi a spingerlo violentemente fuori dalla scena: esploreremo con maggiori particolari questo scenario del genocidio quando ci occuperemo dell'Europa, più avanti nel corso del libro.

Nello stesso modo in cui le specie di ominidi oggi estinte possono essere riconosciute dalla grandezza e forma delle loro ossa, così anche utensili e altri artefatti possono essere

classificati secondo il loro stile. Mi piace tracciare un parallelo con l'evoluzione di quell'icona della cultura americana che è la bottiglia della Coca-Cola durante il XX secolo. Nei primi settant'anni del secolo le bottiglie furono sculture di vetro di 227 grammi, con una forma curva caratteristica che ci ricorda ancora i banchi di mescita delle bevande gassate e i drive-in degli anni '50. Negli anni '70 fu introdotta nei supermercati una bottiglia più grande e molto più leggera, in plastica, che però conservava ancora la sua forma a clessidra, come se volesse mantenere il contatto con l'epoca ormai passata delle versioni anteriori. Negli anni '80, però, le curve si attenuarono a favore della bottiglia standard di plastica, dal profilo rettilineo, che è usata oggi praticamente da tutti i produttori di bevande gassate. Ci sono piccole variazioni nella grandezza: grosse bottiglie da due litri sono oggi comuni in Gran Bretagna e in America, mentre l'Europa continentale opta per una bottiglia leggermente più elegante da 1,5 litri, ma il nuovo stile è diventato universale.

Quest'evoluzione di una forma universale è osservabile per tutti gli utensili umani, dai martelli ai coltelli, alle armi da fuoco, alle padelle. Tutto si evolve nel corso del tempo, e la forma più efficiente finisce sempre col trovare l'applicazione più diffusa; si afferma rapidamente sulle forme in competizione con essa, rendendo infine difficile persino il ricordo degli stili precedenti. Ancora prima dell'attuale epoca della globalizzazione, il mondo ebbe un suo armamentario di utensili dominante, destinato a imporsi largamente su tutti gli altri. Nel periodo di cui stiamo parlando, 50-60.000 anni fa, questi utensili sono strettamente associati a un fenomeno culturale comune noto come « tarda Età della Pietra », o, più tecnicamente, come Paleolitico Superiore. Gli utensili del Paleolitico Superiore si staccano radicalmente da quelli anteriori e sono una prova chiara della presenza di esseri umani anatomicamente moderni, in contrapposizione all'*Homo erectus* o ai neandertaliani, che rimasero intrappolati in una distorsione temporale nel Paleolitico Medio.

Nel capitolo seguente esamineremo i dettagli del passaggio dal Paleolitico Medio al Paleolitico Superiore, ma ai fini della storia dei nostri abitatori delle coste dell'Australia sarà sufficiente dire che gli utensili dell'inizio del Paleolitico Superiore segnano l'inizio della migrazione dell'uomo moderno in ogni regione geografica. Ecco perché l'India è insolita, essendosi trovati qui ben pochi resti del Paleolitico Superiore. In essa sono in generale scarsi i resti umani dei periodi immediatamente anteriori al Paleolitico Superiore, mentre vi abbondano utensili delle epoche precedenti. Il Paleolitico Superiore non offre qui segni eloquenti fin verso la sua fine, e anche allora essi ci si presentano in un luogo inaspettato.

La caverna di Fa Hien, nello Sri Lanka, ci fornisce le tracce più antiche del Paleolitico Superiore nel subcontinente indiano. La data, però, è problematica: gli artefatti più antichi riconducibili chiaramente all'uomo moderno non hanno più di 31.000 anni. Le vicine caverne di Batadomba Lena contengono i più antichi resti scheletrici di uomini anatomicamente moderni, risalenti anch'essi a circa 30.000 anni fa. La combinazione di età e ubicazione ci fornisce due indizi nella nostra ricerca di tracce della migrazione costiera. In primo luogo, le caverne dello Sri Lanka ci suggeriscono che i primi uomini anatomicamente moderni siano arrivati in India da sud, anziché da nord seguendo la più ovvia via dell'interno. Ciò implica che essi vivessero sulla costa, in accordo con la teoria di un'antica migrazione costiera.

Il secondo indizio, desunto dalla datazione, è che gli australiani non potrebbero essere i discendenti della popolazione di Batadomba, dato che questa visse più di 20.000 anni dopo i segni più antichi dell'insediamento umano nell'Arnhem Land. Può darsi che gli strati archeologici sottostanti a quelli già scavati possano fornire in seguito testimonianze più antiche della presenza umana moderna, ma per il momento pare che i materiali di Batadomba siano troppo tardi per aiutarci nel nostro viaggio. In effetti, sull'intero percorso della nostra via costiera verso l'Australia si trovano solo date

relativamente tarde. In Thailandia, per esempio, nella caverna di Lang Rongrien ci sono prove di occupazione da parte di esseri umani moderni a partire da circa 37.000 anni fa, ma non prima. Man mano che ci avviciniamo alla scena del crimine, le date diventano più lontane: utensili litici risalenti a 40.000 anni fa sono stati trovati a Bobongara, sulla penisola di Huon, nella Nuova Guinea orientale. Questa sarebbe stata l'ultima tappa nel viaggio, ma non c'è ancora nulla che si avvicini alle date di 50-60.000 anni fa in Australia. Così, nonostante la ricostruzione su base genetica di un'antica via costiera seguita dai primi uomini moderni usciti dall'Africa, l'archeologia pare non offrirci alcuna conferma. Dove sono le prove a favore della nostra via costiera?

Purtroppo non lo sappiamo, ma c'è un'ipotesi probabile. Poiché oggi quasi tutte le ricerche archeologiche vengono compiute sulle terre asciutte, ci mancano con ogni probabilità gli artefatti che sono nascosti sott'acqua. « Fandonie », potreste dire, « l'Atlantide è senza dubbio un mito! » Beh, sì e no. Se non si può certo dire che abbondino le prove di un'antica civiltà inabissatasi in mare nel corso di un'immane catastrofe, è indubbio che nel corso degli ultimi 100.000 anni il livello del mare ha presentato oscillazioni consistenti. Il livello del mare di 50.000 anni fa era press'a poco cento metri più basso di oggi, in quanto grandi quantità d'acqua erano imprigionate nelle distese di ghiaccio in espansione nell'emisfero nord. Questa differenza può non sembrare molto grande, ma dobbiamo ricordare che siamo interessati non tanto alla profondità quanto all'estensione delle terre esposte a queste fluttuazioni. Poiché i continenti hanno di norma pendii assai poco ripidi là dove scendono verso il mare, un dislivello di 100 metri può fare una differenza enorme nella quantità di terre che vengono a essere esposte. Per esempio, un calo di quest'entità del livello del mare attuale esporrebbe oggi ben 200 chilometri di terra sulla costa occidentale dell'India. Sri Lanka e India devono quindi essere stati collegati in passato da un ponte di terra-

ferma, il golfo Persico e il golfo della Thailandia devono essere stati fertili delta fluviali, e l'Australia e la Nuova Guinea devono essere state due estremità bulbose di una singola massa continentale. Nel complesso la nostra intera via costiera dovette essere 50.000 anni fa molto diversa da oggi.

L'aumento del livello del mare in epoca recente comporta che, se i nostri viaggiatori costieri vissero principalmente di risorse fornite dal mare, i luoghi in cui essi scelsero allora di vivere dovrebbero essere oggi sommersi. Lo schema di distribuzione delle diverse varianti del cromosoma Y in Eurasia mostra che il nostro marcatore costiero M130 si trova prevalentemente nelle parti meridionale e orientale del continente (vedi fig. 10 a pag. 248). Inoltre, i cromosomi Y M130 nel sud sembrano più antichi di quelli che si trovano più a nord, suggerendo un'emigrazione posteriore che avrebbe avuto origine ai tropici. Questi risultati, associati a una mancanza di prove archeologiche dell'occupazione da parte di uomini moderni fin dopo 40.000 anni fa, suggeriscono che gli antichi immigranti costieri non dovettero allontanarsi mai molto dal mare. Adattati a uno stile di vita costiero, non pare che si siano mai addentrati molto nell'interno. Conoscendo questo fatto, gli archeologi alla ricerca di testimonianze dei primi indiani dovrebbero cercare sotto la superficie del mare più che scavare nelle terre emerse, praticare l'archeologia sottomarina più che quella convenzionale. È probabile che gli utensili più antichi del Paleolitico Superiore nel subcontinente indiano si trovino oggi sotto migliaia di anni di crescita di sabbia e corallo.

Un Ararat in Australia?

Laura, una cittadina 300 chilometri a nord-est di Cairns, nel Queensland, è nota per due cose. Un tempo quartier generale regionale per l'industria dell'estrazione dell'oro a Cape York, incarnava la brutalità del locale insediamento europeo.

Molto più importante per i nativi è il fatto che vi si svolga il Laura Festival dell'arte e cultura aborigene, che si tiene ogni due anni su un grande campo alla periferia della città. Può sembrare un po' strano che questa importante manifestazione internazionale si tenga in una cittadina che, fino a poco tempo fa, non era collegata col resto del mondo neppure da una strada asfaltata, oltre ad avere una tale eredità di sfruttamento coloniale. Laura fu scelta però in quanto nei suoi dintorni si trovano vari siti sacri agli aborigeni, decorati con dettagliate raffigurazioni artistiche eseguite su roccia nell'arco di 15.000 anni. Su queste opere d'arte vigilano spiriti noti come quinkan, di nome Timara e Imjim, che operano come una sorta di coscienza collettiva. Timara è lo spirito più diabolico dei due, che si occupa di mantenere l'ordine nella popolazione, mentre Imjim – che è caratterizzato nei suoi ritratti da un pene bulboso – assomiglia un po' di più a un folletto maligno, e si diverte a giocare tiri mancini.

I quinkan, con la loro antica genealogia, dimostrano il forte senso del legame che unisce gli aborigeni alla loro terra. Le loro « vie dei canti » tracciano antichi viaggi attraverso il paesaggio, fornendo una connessione genealogica con i tempi più antichi dell'esistenza umana. Come molti popoli indigeni di tutto il mondo, gli aborigeni credono di avere sempre vissuto nel loro paese. Essi citano le stime sempre diverse fornite dagli scienziati sull'occupazione umana, le quali sono cresciute costantemente nell'ultimo mezzo secolo, dalle poche migliaia di anni ipotizzate all'inizio degli anni '60 fino ai 60.000 anni di oggi. Ogni volta che nuovi metodi di datazione – ognuno con la propria sorgente di errori – sono stati applicati alla Preistoria australiana, vi estendono l'età dell'occupazione umana. Come scopriremo, le date dell'occupazione dell'Europa da parte dell'uomo moderno non superano i 40.000 anni; ciò significa che gli australiani hanno un rapporto col loro continente molto più antico di quello che avevano col proprio gli europei che hanno colonizzato l'Australia nel corso degli ultimi duecento anni.

I risultati genetici, però, mostrano chiaramente che gli australiani – come tutte le altre popolazioni oggi esistenti – derivano da progenitori che vivevano in Africa. Gli australiani hanno una spiegazione per questo stato di cose. L'artista aborigeno Greg Singh, che vive a Cairns, suggerisce che il mondo sia stato in realtà creato a partire dall'Australia, cosa che spiegherebbe la connessione genetica fra l'Australia e l'Africa. Egli sostiene che, come i metodi di datazione al radiocarbonio hanno recentemente ceduto il passo alla termoluminescenza, così una rivalutazione dei dati genetici fornirà prove della centralità dell'Australia nella preistoria genetica del mondo. Una cosa del genere è chiaramente impossibile – dato che il continente in cui ha avuto origine la nostra specie è inequivocabilmente l'Africa –, ma potremmo domandarci se la via per l'Australia, che è il primo continente colonizzato dall'uomo moderno fuori dell'Africa, abbia operato come una sorta di Ararat preistorico. La via lungo la costa fu una tappa per la colonizzazione del resto del mondo? Se l'Africa fu il punto di partenza, l'Australasia o l'Asia meridionale potrebbero essere state il canale principale attraverso il quale fluì il resto del nostro viaggio?

Per cercare di rispondere a questa domanda dovremo tornare in Africa, alla ricerca dell'altra linea principale della diversità genetica umana.

5
SALTI E BALZI

Il linguaggio è la veste del pensiero.
Samuel Johnson, *Lives of the English Poets*

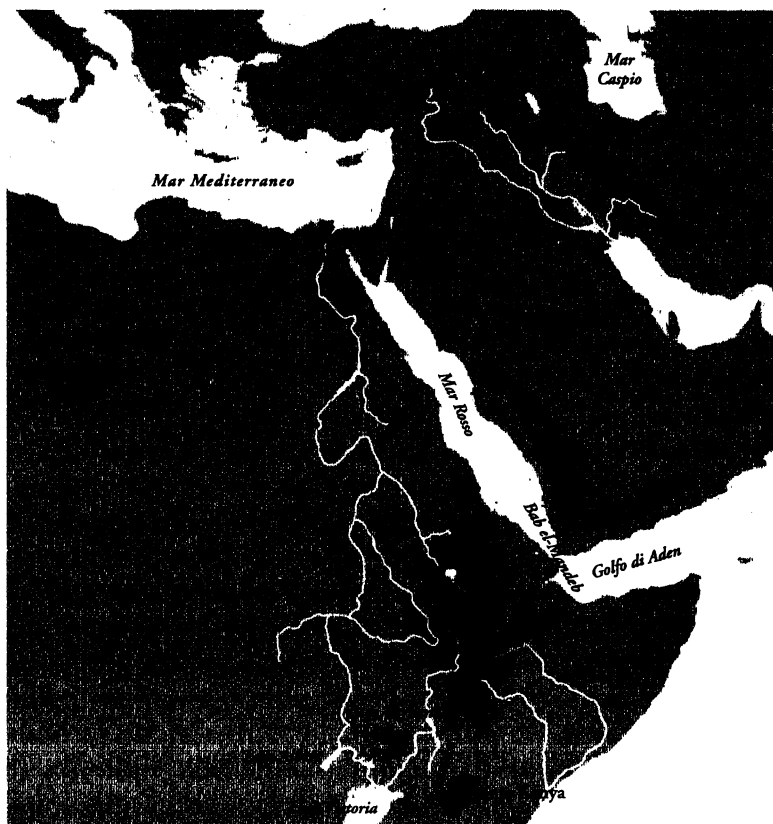
Il mio cromosoma Y è definito da un marcatore noto come M173. Ciò significa che, a un certo punto in passato, un uomo ebbe una mutazione che trasformò una base adenina in una base citosina, in una particolare posizione nella sequenza dei nucleotidi del suo cromosoma Y. Quell'uomo potrebbe essere chiamato M173, dal suo marcatore. Anche tutti i suoi figli maschi ebbero questo marcatore, che li individua senza possibilità di errore come suoi discendenti. Essi lo trasmisero poi a loro volta ai loro figli, e nel corso del tempo esso aumentò di frequenza. Oggi il marcatore M173 è molto comune nell'Europa occidentale, dove vissero i miei progenitori maschi: nell'Inghilterra meridionale lo possiede più del 70 per cento degli uomini, dimostrando che noi tutti abbiamo lo stesso progenitore recente. Questo non è però l'unico marcatore che ho sul cromosoma Y; se voglio ricostruire la mia linea genetica procedendo a ritroso nel tempo, trovo altri polimorfismi, con nomi come M9 e M89, ognuno dei quali è una mutazione unica in una posizione diversa nella mia sequenza del cromosoma Y. Ho anche il marcatore M168, che situa i miei progenitori, come quelli di ogni altro eurasiatico, in Africa intorno a 50.000 anni fa. L'ordine di questi marcatori mi permette di ricostruire il viaggio fatto negli ultimi 50.000 anni che ha condotto, infine, i miei progenitori alle isole britanniche, e che rivela alcune affascinanti relazioni fra persone di tutto il mondo. Ovviamente questo stesso esercizio potrebbe essere ripetuto per tutti gli uomini

oggi esistenti. È un po' come analizzare la ricetta della *bouillabaisse* trasmessami dai miei genitori, fino a tornare, eliminando i cambiamenti introdotti negli ingredienti a ogni generazione, alla fonte ultima della ricetta: il brodo africano originario.

Nel capitolo precedente abbiamo visto che un marcatore, l'M130, definisce la maggior parte degli uomini che vivono in Australia. Esso permette di ricostruire il viaggio all'indietro fino all'Africa, quando quella linea evolutiva viene a condividere un progenitore comune col mio cromosoma Y fino a raggiungere l'M168, ossia l'Adamo eurasiatico. La limitata distribuzione dell'M130 in popolazioni di tutto il mondo riflette il suo viaggio costiero fuori dell'Africa, quando seguì il margine meridionale del continente, lasciando tracce estremamente interessanti del suo viaggio. Ma gli uomini che possedevano questo polimorfismo furono accompagnati da uomini che avevano anche l'M89, il marcatore successivo nella mia linea genealogica? Il viaggio nell'Eurasia ebbe inizio 50.000 anni fa sulla costa dell'Asia meridionale?

Prima di poter rispondere a questa domanda, e cominciare a esaminare le ricette del brodo eurasiatico a partire dall'M89, il progenitore della maggior parte delle linee evolutive non africane del cromosoma Y, dobbiamo porci una domanda di importanza vitale: se – come suggeriscono tutte le prove archeologiche – gli esseri umani moderni erano presenti in Africa 150.000 anni fa, perché attesero così tanto tempo prima di mettersi in viaggio?

Ginnastica mentale

Il sole sta calando sulla savana dell'Africa orientale, e la temperatura scende considerevolmente. Cominciate a sentire freddo, e siete sollevati al pensiero che voi e gli altri cacciatori siete riusciti a uccidere una gazzella zoppa. Quando tornate al campo, ognuno prende un semplice utensile da taglio

Carta 2. L'Africa nordorientale e il Medio Oriente.

– affilato da un lato e ottuso dall'altro – e comincia a fare a pezzi l'animale. L'utensile, che oggi gli antropologi classificherebbero come una lama mousteriana (del Mesolitico), è semplice ma efficace. Eliminate rapidamente i tendini e le ossa e ben presto vi rilassate accanto al fuoco, osservando la carne che cuoce sopra le fiamme. Una iena urla a distanza, e per la prima volta da varie ore a questa parte cominciate a pensare ad altre cose.

Mentre rimuginate sulla caccia della giornata, siete grati

che la vostra fortuna si sia riconfermata, anche se le mandrie di animali selvatici sembrano diventare più rare. Ovviamente non lo sapete, ma il clima africano è cominciato a diventare più secco, e le risorse di cibo per gli animali stanno diventando meno abbondanti che in passato. Dopo che tutti hanno mangiato, la vostra compagna vi porta vostro figlio. Pur essendo un bambino forte e sano, vi preoccupa un po' perché pare diverso dagli altri bambini. Da un lato, ha già imparato a parlare – a due anni – mentre gli altri bambini non cominciano a farlo almeno fino a tre. Pare che sia più bravo anche a fare altre cose rispetto agli altri bambini del clan, e gli piace giocare con i piccoli frammenti di pietre disseminati intorno al campo. Pare molto più emotivo degli altri, e a volte erompe in violenti accessi di collera che spaventano gli altri membri del clan. La cosa più strana, però, è che ha cominciato a tracciare sulla sabbia delle immagini simili agli animali che voi portate al campo dopo le battute di caccia. Voi trovate questa cosa particolarmente preoccupante, e vi affrettate a cancellarle non appena le vedete. Anche altri nel campo, però, le hanno notate, e qualcuno ha cominciato a mormorare su questo comportamento insolito.

Passa il tempo. Quando vostro figlio è cresciuto abbastanza gli insegnate a cacciare e a costruire semplici utensili, ma ben presto egli vi supera. Pare che abbia una capacità quasi magica di prevedere quel che faranno gli animali, cosa che contribuisce ad accrescere la sua popolarità nel clan, nonostante il suo comportamento strano. Molto presto – intorno ai quindici anni – diventa il capo accettato nel vostro piccolo gruppo. Sotto la sua guida il clan ha abbondanza di cibo e prospera. Egli procrea molti figli, i quali sembrano essere anch'essi molto più bravi degli altri membri del gruppo. In capo a qualche generazione tutti i membri del gruppo possono riconoscere in lui il loro progenitore. Egli diventa il « progenitore totemico » del gruppo – il padre fondatore – e tutti coloro che sono discesi da lui sono per definizione membri del gruppo. Altri clan – ai quali sono negate questa

misteriosa conoscenza del comportamento animale e questa superiore capacità di costruire utensili che danno un tale vantaggio nella caccia – o si spostano spontaneamente in altri territori o vengono dispersi da spedizioni organizzate dai più abili. Le donne sono rapite dai razziatori e incorporate nella struttura del clan, mentre gli uomini vengono di solito uccisi o espulsi dal territorio. Ben presto il clan diventa troppo grande perché tutti i suoi membri possano vivere in un piccolo territorio, e nei successivi contrasti per l'accesso al cibo alcuni fra i membri più giovani partono con le loro compagne per trovare nuovi territori. Il processo si ripete moltissime volte nelle migliaia di anni seguenti, fino a quando praticamente tutti gli uomini presenti nella regione possono considerarsi discendenti di quel primo bambino particolarmente intelligente.

Quello che ho appena descritto è un processo che potrebbe essere accaduto intorno a 60-70.000 anni fa in Africa, quando un singolo evento fortuito modificò il corso dell'evoluzione umana. Come molti eventi storici, esso dipese dal fatto che la persona giusta si trovò nel posto giusto al momento giusto: una triplice coincidenza che fornì la scintilla per una rivoluzione. Ma le cose sono andate necessariamente così?

La risposta breve è semplicemente che non lo sappiamo. L'espressione « grande balzo in avanti » fu introdotta in antropologia da Jared Diamond, che la prese a prestito dal piano di Mao Tse-tung per l'industrializzazione della Cina negli anni '50 del Novecento; Diamond la usò per descrivere lo sviluppo di cambiamenti radicali nella tecnologia all'inizio del Paleolitico Superiore, attorno a 50-70.000 anni fa. Questi progressi tecnici segnarono un radicale allontanamento dal modo di vita precedente, e meritano una spiegazione. Che cosa causò un mutamento così significativo nel comportamento umano?

Uno dei più energici sostenitori della teoria del grande balzo in avanti, Richard Klein, cita tre importanti cambiamenti archeologici che si verificarono attorno a quest'epoca.

Innanzitutto, gli utensili usati dagli esseri umani divennero assai più vari e resero più efficiente l'uso della pietra e di altri materiali. In secondo luogo, in tale periodo fece la sua prima apparizione l'arte, unitamente a un presunto salto nel pensiero concettuale. Infine, è attorno a quest'epoca che gli esseri umani cominciarono a sfruttare le risorse di cibo in un modo molto più efficiente. Complessivamente tutte le testimonianze indicano un mutamento importante nel comportamento umano, e Klein ne vede la ragione nel nostro DNA.

I tipi di cambiamenti che osserviamo all'inizio del Paleolitico Superiore, dice Klein, possono essere stati occasionati solo dall'inizio di una comunicazione più efficiente. Egli ne inferisce che proprio all'inizio del Paleolitico Superiore debba situarsi l'origine del linguaggio moderno, con la sua ricca sintassi e la sua molteplicità di modi per esprimersi. La maggior parte degli antropologi pensa che questa fioritura di capacità linguistiche sia una condizione cruciale per un ulteriore sviluppo sociale. La creazione di reti sociali complesse fu quasi certamente la scintilla che determinò i mutamenti nel comportamento umano propri del Paleolitico Superiore. E ciò accadde, secondo Klein, grazie a un cambiamento nel cablaggio del nostro cervello, messo in moto da un evento genetico.

Possiamo farci un'idea di quali possano essere stati tali cambiamenti osservando i bambini moderni. Lo psicologo svizzero Jean Piaget, attivo alla metà del Novecento, sviluppò uno schema dettagliato per lo sviluppo normale del bambino. Esso implicava una progressione dal riconoscimento di oggetti a una comprensione gradualmente più complessa del modo in cui gli oggetti stessi si mettono in relazione l'uno all'altro. La maggior parte delle prime fasi di sviluppo si concentra sull'organizzazione di oggetti del mondo reale (come un bottiglino, un sonaglio o la faccia di papà) in sistemi sempre più complessi, attraverso l'adattamento di comportamenti (quando vedo la faccia di papà, di solito ricevo un bottiglino, altre volte un sonaglio). Que-

sta nozione può apparire complicata, ma sembra spiegare bene il modo in cui i bambini imparano per tentativi a interagire col mondo. Essa fornisce anche una cornice di riferimento per l'acquisizione di capacità linguistiche, il comportamento più esclusivamente umano.

I bambini cominciano a parlare emettendo suoni più o meno casuali e ripetitivi. Da questa fase si passa a vere parole intorno ai dodici mesi. Molti psicologi e linguisti pensano che le prime parole dei bambini, come « mamma » e « papà », siano le più facili da imparare, e che siano in qualche modo geneticamente programmate nell'anatomia vocale umana. Esse sono presenti quasi universalmente in tutte le lingue, suggerendo che in ciò possa esserci un granello di verità. Il linguista americano Merritt Ruhlen sostiene però che l'universalità di queste parole sia il residuo evoluzionistico di un'origine comune di tutte le lingue umane – una traccia della lingua originale che si parlava decine di migliaia di anni fa –, più che un prodotto secondario programmato della nostra anatomia. È probabile che siano in qualche misura vere entrambe le cose, e che i suoni più elementari siano stati usati nella prima lingua umana *perché* sono le combinazioni di suoni più basilari prodotti dal nostro meccanismo vocale.[1]

La ripetizione di sillabe prive di senso e la pronuncia di singole parole isolate continuano per un altro anno, insieme a una grande espansione del vocabolario del bambino. Cominciano poi a emergere le prime frasi composte da due parole, quando il bambino combina parole diverse per formare nuovi significati. La mia figlia maggiore si chiama Margot, e durante questa fase cominciò a dire cose come « Margot bacio » e « Mamma tieni ». Poi, intorno ai due anni, si verifica un grande balzo in avanti. È a quest'età che la maggior parte dei bambini comincia a mettere insieme tre parole in frasi complesse, come « Margot bacia papà », anziché semplicemente « Margot bacio » o « Bacio papà », utilizzando per la prima volta la struttura sintattica soggetto-verbo-oggetto (SVO), che caratterizza l'inglese e la maggior parte delle altre

lingue. Alcune lingue (fra cui il giapponese, il coreano e il tibetano) usano la struttura SOV («Margot papà bacia»), mentre le strutture VSO e VOS sono usate dal 15 per cento circa delle lingue (il gallese è un esempio della prima e il malgascio della seconda). La struttura più rara di tutte è la OSV, che è forse meglio nota come il linguaggio del maestro Jedi Yoda nel film *L'impero colpisce ancora* – «Malato io sono diventato», e via dicendo –, usata oggi solo da un pugno di lingue parlate nell'Amazzonia brasiliana. La cosa importante da ricavare da questa diversità sintattica è che nella nostra comprensione di una frase svolge un ruolo cruciale l'ordine delle parole. Come ci ricorda un vecchio detto, la frase «un cane morde un uomo» è banale, mentre la frase «un uomo morde un cane» vale un titolo su un giornale.

L'esplosione della complessità linguistica in un bambino di due anni è quindi una conseguenza della padronanza della sintassi, e da questo punto in poi si ha un fuoco di fila senza fine di frasi sempre più complesse. Il grande balzo in avanti nella comprensione, però, implica il superamento della barriera sintattica; senza la padronanza di questa, il resto non verrà mai. Possiamo rendercene conto nel caso degli scimpanzé – come il bonobo Kanzi – a cui si cerca di insegnare l'uso dell'ameslan, il linguaggio americano dei segni. Kanzi riuscì a creare e capire una grande varietà di frasi di due parole, come un bambino umano di diciotto mesi, ma non riuscì mai a padroneggiare la sintassi complessa del discorso di un bambino di due anni. La differenza significativa fra la comunicazione umana e quella delle scimmie antropomorfe pare sia stata la creazione di strutture cerebrali che permettevano la comprensione della sintassi, e quindi la comunicazione di significati complessi.

Per vedere come possa essere così, tentiamo un altro esperimento mentale. Immaginate di essere sbattuti da un naufragio su un'isola remota, abitata da una tribù che parla una lingua per noi inintelligibile. Nulla nella loro lingua ha un senso per voi; non ci sono parole che abbiano un qualche

rapporto con parole nella nostra lingua. Il vostro intento è quello di accertare dove vi trovate e come tornare a casa. Come fare? All'inizio cercherete probabilmente di comunicare usando le abilità che avete sviluppato da bambini, procedendo per tentativi, concentrandovi su nomi e verbi isolatamente. Additando un albero, solleverete le sopracciglia con aria interrogativa, fidando nella quasi universalità di molte espressioni facciali umane (le quali sono probabilmente esse stesse un vestigio evoluzionistico di un tempo anteriore allo sviluppo di un linguaggio complesso). Ben presto apprenderete abbastanza parole per sviluppare frasi elementari come « Bevo », o « Mangia ora ». Il passo avanti finale sarà quello di creare frasi complesse che trasmettano più informazione di singoli nomi e verbi da soli. Siete infine davvero compiaciuti con voi stessi quando riuscite a dire per la prima volta « Ora vado a casa », un'impresa linguistica alla portata di un bambino di due anni. A questo punto, gli indigeni sembrano sperimentare un momento di illuminazione, dopo di che vi conducono dalla parte opposta dell'isola, al locale campo d'aviazione, una semplice pista, dove potrete comunque prendere un volo che vi permetterà di tornare a casa.

Questo scenario immaginario di un naufragio serve a dimostrare l'utilità della sintassi per la comunicazione umana, e ci dà una buona idea del perché la sua acquisizione potrebbe essere stata un balzo in avanti tanto grande per i nostri antichi antenati. Quel che esso non spiega, però, è che cosa possa averlo causato. Se l'abisso intellettuale fra l'uomo e le scimmie antropomorfe viene valicato da un ponte sintattico, dobbiamo chiederci perché questa possibilità si affacciò ai nostri antenati ma non a quelli degli scimpanzé e dei gorilla. Anche qui troviamo qualche aiuto nelle ricerche sul comportamento dei primati. Una delle cose che impediscono agli scimpanzé di sviluppare una sintassi complessa, secondo Sue Savage-Rumbaugh, è la loro limitata memoria a breve termine. Per capire il significato di una frase complessa occorre ricordarne l'inizio quando si arriva alla fine, per inte-

grarne il senso. La cosa non è forse difficile per una frase come « un uomo morde un cane », ma è un po' più complicata per una complessa costruzione con un verbo al passato in tedesco, dove il verbo che esprime l'azione appare solo alla fine della frase! Una limitata memoria a breve termine può essere quindi la causa delle capacità linguistiche minime degli scimpanzé.

La ragione per cui i nostri cugini scimmieschi non hanno mai sviluppato una memoria a breve termine paragonabile alla nostra potrebbe essere connessa al loro stile di vita. Tutti i nostri parenti primati vivono nelle foreste, e sono almeno in parte arborei. Pare invece che i nostri progenitori abbiano rinunciato a vivere sugli alberi vari milioni di anni fa. Gli australopitecini avevano la stazione eretta, cosa che dev'essere stata evoluzionisticamente utile in un ambiente privo di alberi. La struttura dell'ecosistema africano, con le sue vaste savane in stretta prossimità alle foreste, è in effetti un habitat ideale per un primate che passi dalla vita sugli alberi a quella al suolo. E proprio questo salto al di là degli alberi nell'ambiente aperto della savana avrebbe messo in moto la traiettoria evoluzionistica che condusse infine alla sintassi e al linguaggio moderno.

Oggi la maggior parte degli antropologi accetta la tesi che gli antichi ominidi camminassero eretti già prima di sviluppare capacità mentali superiori. Come nel caso del bambino di Taung, riportato in luce da Raymond Dart, il cervello dei più antichi progenitori dell'uomo era paragonabile per volume a quello delle scimmie antropomorfe, benché essi presentassero già le modificazioni scheletriche che indicano la locomozione bipede. In un ambiente privo di alberi, la stazione eretta doveva conferire i vantaggi di una maggiore statura (che permetteva di vigilare meglio sull'ambiente), di un movimento efficiente sul terreno e di mani libere per poter usare utensili, nessuna cosa delle quali sarebbe stata molto importante per un essere che si spostasse primariamente passando da un ramo all'altro in una foresta. Come si dice, la

necessità aguzza l'ingegno, e questo vale certamente per l'evoluzione. Ma che cosa ci indusse a scendere dagli alberi e ad avventurarci nelle pianure?

I cambiamenti di clima hanno avuto periodicamente effetti catastrofici sulle foreste africane e la diminuzione della piovosità ne ha ridotto di varie volte l'estensione nel corso degli ultimi dieci milioni di anni. Un periodo particolarmente secco, fra 5 e 6 milioni di anni fa, comportò addirittura la sparizione del Mediterraneo, con effetti importanti sul clima africano. Durante quel prolungato periodo di siccità alcune fra le scimmie antropomorfe che vivevano sugli alberi si trasferirono forse al bordo della foresta per trarre vantaggio dalle risorse offerte dalle praterie. Ma mentre le scimmie che vivono sugli alberi sono raccoglitrici (anche se a volte gli scimpanzé uccidono e mangiano scimmie, la loro dieta è formata principalmente da frutti e insetti), quelle che si spostarono sulla savana dovettero diventare cacciatrici. Questo perché per primati di grande taglia è piuttosto difficile vivere nella savana di sola raccolta: piante e insetti non forniscono infatti nutrimento a sufficienza. La carne degli animali, e specialmente di mammiferi, fornisce una dieta altamente calorica ricca di proteine. E fu probabilmente la necessità di cacciare e uccidere i mammiferi delle praterie, oltre che di sottrarsi all'attenzione degli altri carnivori che vi vivevano, a causare lo sviluppo del cervello umano.

Se immaginate la vita come una partita a scacchi, acquisteranno un po' più di senso le cause e gli effetti dell'evoluzione del cervello. Quando il clima è favorevole e l'ambiente costante, la strategia può essere molto semplice, e forse anche sempre vincente. Se avete fame trovate un frutto da mangiare, o usate un filo d'erba per estrarre le termiti da un termitaio. Tutto semplice. La vita nella foresta è più o meno sempre così. La ragione per cui la distruzione di una foresta può causare l'estinzione di un gran numero di specie è che spesso queste non sono in grado di far fronte al nuovo ambiente, ossia sono troppo ben adattate al loro habitat precedente.

Gli orang-utan vivono alla grande nella foresta pluviale del sud-est asiatico, mentre non riescono a cavarsela altrettanto bene nelle zone disboscate col metodo dell'« abbatti e incendia ». Quando la situazione diventa più difficile e l'ambiente cambia, dovete cominciare a programmare in anticipo le vostre mosse, e la partita a scacchi diventa più complicata. È proprio in questo che sono bravi gli uomini, grazie alla nascita della loro specie nel crogiolo di un ambiente marginale e mutevole. In un certo senso, noi siamo biologicamente adattati ad adattarci. Mentre però altri animali hanno adattamenti fisici complessi, noi abbiamo solo la nostra mente, e i nostri adattamenti si verificano sotto forma di cambiamenti di comportamento.

Una delle conseguenze del possesso di una mente altamente adattabile è lo sviluppo di una cultura complessa. La cultura umana, che inizialmente fu forse un'estensione della tecnica cooperativa della caccia, con la sua forte selezione delle doti di intelligenza e di interazione sociale, si proiettò oltre la sfera meramente pratica per abbracciare arte, scienza, linguaggio e tutte le altre dotazioni della vita « umana ». Anche se non siamo stati i primi ominidi a manifestare straordinari adattamenti culturali, siamo certamente gli unici ad averli portati a livelli così alti. Nel caso dei neandertaliani, per esempio, si sono trovate tracce di un'assistenza collettiva ai malati. Essi fanno pensare inoltre, in siti come Teshik-Tash, nell'attuale Uzbekistan, a una più profonda concettualizzazione del loro posto nel mondo, come suggerisce la sepoltura ritualizzata di un bambino neandertaliano circondato da corna di capra. Ma, più che nel caso di qualsiasi altra specie, è una cultura complessa a definire in modo unico l'*Homo sapiens*, a fare di noi ciò che siamo. Senza le prime antiche scintille di tale cultura i nostri antenati ominidi non si sarebbero mai avventurati oltre il margine delle foreste africane, addentrandosi nella savana. E senza il possesso di una cultura a un livello abbastanza elevato, non saremmo mai sopravvissuti alle esperienze che abbiamo dovuto affron-

tare quando siamo passati dall'Africa all'Eurasia circa 50.000 anni fa.

Il brodo batterico

Quando si introduce un batterio in un brodo ricco di sostanze nutritive, e gli si permette di dividersi formando prima due batteri, poi quattro, poi otto e via dicendo, accade una cosa interessante. Come abbiamo visto, ogni volta che – durante la riproduzione – viene copiato del DNA, vengono compiuti errori di trascrizione casuali, noti come mutazioni. Questi sono i cambiamenti nella ricetta del brodo che si verificano naturalmente nella trasmissione della ricetta da una generazione all'altra. Lo stesso schema si ritrova nella divisione batterica. Così, nel nostro brodo batterico impegnato in una rapida proliferazione, cominciamo a vedere nuove linee evolutive prendere forma in conseguenza di piccoli cambiamenti nei genomi. Se esaminiamo un campione di sequenze di DNA della popolazione batterica dopo alcune generazioni, non scorgiamo differenze sensibili fra loro. Se però lasciamo passare qualche centinaio di generazioni (che per i batteri significa solo un paio di giorni), vediamo una quantità di variazione enorme. Conformemente all'intuizione di Zuckerkandl e di Pauling sull'evoluzione delle proteine, quanto più la popolazione è cresciuta, tanta più variazione vediamo. Per esprimerci nel modo più semplice, ci sono più differenze genetiche fra due batteri scelti a caso nella popolazione più vecchia che in quella più giovane.

L'esperimento che abbiamo appena fatto col nostro brodo batterico illustra quel che accade in qualsiasi popolazione in crescita esponenziale, dove il numero dei figli si raddoppia a ogni generazione. La cosa più chiara è che la popolazione cresce rapidamente: se permettessimo ai batteri di riprodursi incontrastati per qualche giorno, essi assumerebbero il controllo del pianeta. Molto più importante per la nostra storia,

però, è la ragione di questa immensa esplosione demografica: ogni individuo nella popolazione lascia figli. Nessuno perde alla lotteria dell'evoluzione: tutti i batteri hanno figli, i quali a loro volta hanno altri figli, e via dicendo. Tutto questo ha interessanti effetti progressivi sulla struttura genetica della popolazione.

Se ci domandiamo quante differenze genetiche ci siano, in media, fra i batteri che comprendono la popolazione in crescita, oggi sappiamo che la risposta dipende dal tempo in cui la popolazione è andata crescendo. Fra i singoli batteri c'è, in effetti, una *distribuzione* delle differenze, la quale corrisponde alla curva gaussiana a campana che ci ha tormentati a scuola alle lezioni di matematica. La *media* di questa distribuzione – il numero medio delle differenze fra gli individui compresi nel campione – dipende dalla durata del tempo in cui la popolazione è cresciuta. Se immaginiamo la curva come un'onda che si muove da sinistra a destra mentre accumula un numero sempre maggiore di differenze, quanto più a destra essa si trova (o, in altri termini, quanto più è lontana dallo zero) tanto maggiore è il numero delle mutazioni accumulato dalla popolazione. E come i confronti delle sequenze di emoglobina fra cavalli e gorilla, anche la rapidità con cui l'onda procede da sinistra a destra è prevedibile, in quanto il ritmo con cui le mutazioni hanno luogo è costante: il nostro orologio molecolare rintocca in A (come in C, G e T). Possiamo perciò calcolare per quanto tempo la popolazione è cresciuta esponenzialmente misurando la media della distribuzione: il punto centrale dell'onda. Bello, potreste dire; questo potrebbe essere un interessante esercizio di laboratorio per un corso universitario di genetica, ma non è terribilmente pertinente... sempre che, ovviamente, non si osservi lo stesso schema anche per altri organismi.

Henry Harpending, antropologo alla Pennsylvania State University, e colleghi eseguirono esattamente quest'analisi per la distribuzione delle differenze genetiche fra sequenze del DNA mitocondriale umano, e trovarono uno schema sor-

prendente. Innanzitutto, la distribuzione delle differenze – detta distribuzione sfalsata – indicava in modo abbastanza chiaro che le popolazioni umane erano in effetti cresciute rapidamente, come i batteri. Lo dimostrava la curva a campana dell'onda, la quale indicava cha la specie umana era cresciuta con una rapidità costante. In popolazioni di grandezza costante (o in diminuzione), la distribuzione comincia a deteriorarsi, diventando sempre più a denti di sega al proseguire del tempo, a causa della perdita diseguale delle linee genetiche dovuta alla deriva genetica, o forse alla selezione. C'era dunque un chiaro segnale genetico del fatto che la popolazione umana era cresciuta rapidamente. Il risultato galvanizzante venne quando Harpending calcolò l'inizio stimato dell'espansione: approssimativamente 50.000 anni fa, un'epoca che corrisponde molto bene alla nostra stima del tempo in cui esseri umani anatomicamente moderni cominciarono a emigrare fuori dell'Africa, e quasi esattamente all'inizio del Paleolitico Superiore.

Harpending e colleghi esaminarono i dati sul DNA mitocondriale raccolti da venticinque popolazioni di tutto il mondo, e tutte tranne due mostrarono prove di una crescita esponenziale nel corso degli ultimi 50.000 anni. Le due popolazioni con distribuzioni a denti di sega erano state recentemente soggette (come si desunse da altri dati) a drastiche diminuzioni, cosicché l'analisi poté differenziare chiaramente fra i due scenari. Inoltre le popolazioni sembravano essersi espanse quasi indipendentemente l'una dall'altra. Gli africani manifestarono un'età di circa 60.000 anni, seguiti dagli asiatici con 50.000, e infine dagli europei con 30.000. Fu un risultato sorprendente. I dati del DNA mitocondriale concordavano perfettamente con i dati archeologici per il progresso della tecnologia nel Paleolitico Superiore – la successione era la stessa: prima l'Africa, poi l'Asia e infine l'Europa –, e anche le date coincidevano. Sembrava che il grande balzo in avanti avesse lasciato il suo marchio genetico nel nostro DNA, tracciando il progresso degli utensili più evoluti

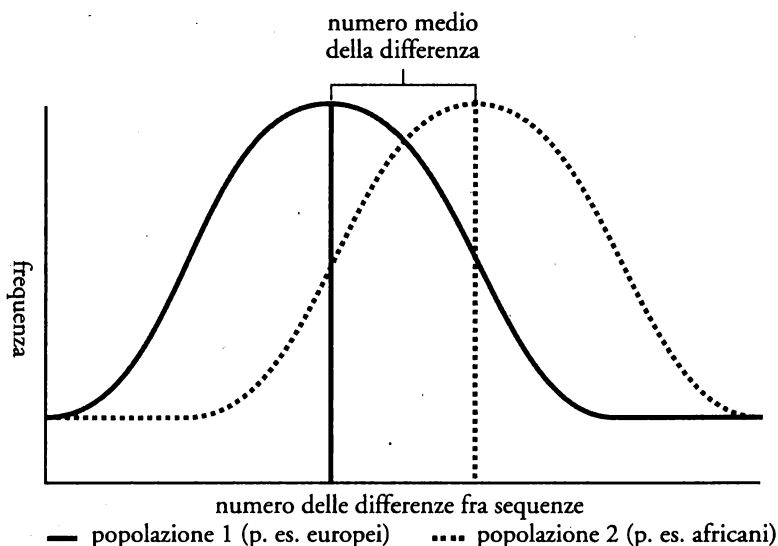



Figura 5. Le distribuzioni sfalsate del DNA mitocondriale (mtDNA) di due popolazioni in espansione. Quanto più una popolazione è andata crescendo, tanto maggiore è il numero medio delle differenze di sequenza.

del Paleolitico Superiore in tutto il mondo. C'era anche l'indicazione di una via: ma i dettagli del viaggio avrebbero dovuto attendere le informazioni fornite da Adamo.

Il grande freddo

Quando ero ragazzo, nella cittadina di Lubbock, nella cosiddetta regione di Panhandle in Texas, eravamo soliti riferire le distanze geografiche in termini di tempo. Così specificavamo spesso la distanza fra Lubbock e Bownfield come « circa 50 minuti », anziché « 80 chilometri ». Quest'uso derivava dal fatto che chiunque si recasse da una città all'altra usava la macchina e la maggior parte degli automobilisti faceva la

gran parte del percorso a circa 100 chilometri all'ora; in questo modo avevamo una conversione approssimativa fra tempo e distanza.

Per la maggior parte della storia umana le distanze sono state espresse in modo simile. Gli uomini più antichi devono averle indicate traducendole nei tempi necessari per percorrerle. Io sto scrivendo in una casa della East Anglia, nei pressi della città sede di mercato di Sudbury, ma se dovessi descrivere questa distanza a un mio progenitore del Paleolitico potrei dirgli che sono circa a tre giorni di cammino a piedi da Londra. Similmente, i nostri progenitori vissuti decine di migliaia di anni fa avrebbero considerato i loro territori in termini del tempo e dello sforzo richiesti per attraversarli. Luca Cavalli Sforza e l'archeologo Albert Ammerman hanno calcolato che le popolazioni agricole in espansione in un nuovo territorio si disperdono al ritmo di un chilometro all'anno circa. I cacciatori-raccoglitori, essendo più mobili, possono muoversi a una velocità molte volte maggiore. Ovviamente, questo è il movimento d'espansione reale: la distanza percorsa a piedi in un anno da una persona sarebbe molte volte maggiore. Ma qualche chilometro all'anno è una buona stima della velocità con cui i moderni cacciatori-raccoglitori, vivendo in un modo molto simile a quello dei nostri progenitori del Paleolitico Superiore, migrano in nuovi territori.

Procedendo con velocità di quest'ordine, il viaggio dall'Africa nordorientale allo stretto di Bering, al lato opposto del supercontinente eurasiatico, avrebbe richiesto varie migliaia di anni. Oggi è teoricamente possibile compiere questo viaggio in aereo senza scali intermedi, con partenza da Gibuti, in Somalia, sul golfo di Aden, e arrivo a Providenija, in Siberia, a poca distanza dall'Alaska. Ma 50.000 anni fa, quando i nostri progenitori intrapresero tale viaggio attraverso il continente asiatico, sarebbe stato inimmaginabile compiere un viaggio così lungo in un solo balzo. Il viaggio attraverso l'Eurasia dovette invece avvenire con grandissima lentezza,

e risultare misurabile solo a una diversa scala di tempo, una scala di distanze intergenerazionali. Quest'orologio capace di misurare solo tempi molto lunghi dovette segnare col suo ticchettio la migrazione graduale di singole bande nel nuovo territorio, al seguito di animali, cercando acqua o piante, o anche pietre per costruire utensili. Alcune migrazioni potrebbero essere state determinate da conflitti con altri gruppi umani. Ci fu probabilmente una combinazione di tutte queste ragioni, oltre che di altre che non possiamo prendere in considerazione oggi. Quali che siano state le forze che condussero a quello che il paleoantropologo Chris Stringer ha chiamato l'« esodo africano », il viaggio compiuto dai nostri lontani progenitori non dev'essere visto come uno sforzo cosciente per attraversare il continente, bensì piuttosto come un'espansione graduale determinata in gran parte da decisioni locali apparentemente insignificanti. È una situazione non diversa da quella di far uscire il dentifricio premendo il tubetto, dove il clima è al tempo stesso il bastone e la carota di questo scenario. La migrazione può essere determinata da una difficoltà a livello locale, ma il cambiamento climatico può portare con sé l'apparizione di nuove risorse in regioni lontane. La popolazione umana è forzata gradualmente a passare per il « tubo » geografico dalla combinazione di queste forze, spingendo e tirando nel corso di migliaia di anni, fino a quando gli esseri umani si siano dispersi a sufficienza dalla loro patria originaria.

Benché questa sia una descrizione abbastanza corretta di ciò che motivò quegli antichi uomini ad attraversare l'Eurasia, noi siamo interessati a usare i dati genetici per inferirne i dettagli di come ciò potrebbe essere avvenuto. La genetica ha risposto alle domande di *chi* (africani) e *quando* (50.000 anni fa), e oggi abbiamo teorie anche sul *perché* (mutamento ambientale), ma ora dobbiamo domandarci *come* i nostri progenitori di 50.000 anni fa abbiano compiuto il salto in Eurasia, e quale via abbiano seguito. A questo scopo dobbiamo fare un passo indietro tornando al nostro studio della pa-

leoclimatologia e domandarci come dovesse essere l'Africa nordorientale cinquanta millenni fa.

Le temperature mondiali avevano cominciato a scendere decisamente circa 70.000 anni fa, quando l'ultima epoca glaciale passò per una fase di freddo molto intenso. Questo potrebbe essere stato il catalizzatore del grande balzo in avanti, favorendo l'avvento dell'intelligenza e di strutture sociali complesse, mentre il clima si deteriorava e la vita diventava più difficile. Le foreste si contraevano, sostituite nell'Africa orientale da savane e praterie, con una grande abbondanza di ungulati di grande taglia. Era su tali praterie che gli esseri umani seguivano le tracce della selvaggina e andavano a caccia, sviluppando utensili e abilità sociali di sempre maggiore complessità. La vita era incredibilmente attiva, e ogni sforzo era concentrato sui compiti di cacciare abbastanza prede e raccogliere abbastanza cibo per sopravvivere. La distribuzione sfalsata a campana del DNA mitocondriale suggerisce che quei nostri lontani progenitori abbiano avuto abbastanza successo in questo compito, e che la popolazione umana abbia continuato a espandersi anche mentre il mondo diventava sempre più freddo e inospitale.

Senza dubbio furono la competizione e la difficoltà della vita nell'interno, con un accesso sempre minore sia a risorse d'acqua sia a prede facili, a indurre alcune popolazioni a vivere sulle coste. Quei gruppi furono forse i progenitori degli australiani, e quasi certamente cominciarono a uscire dall'Africa lungo la via costiera meridionale, non appena le condizioni crearono un facile passaggio al continente eurasiatico. Passaggio che dovette essere particolarmente facile fra Gibuti e lo Yemen attuale: una piccola distanza in linea retta nel percorso fra la Rift Valley e le spiagge sconfinate dell'Asia meridionale.

Lo stile di vita di quei popoli costieri dovette essere relativamente sedentario, legato alla raccolta di cibo dal mare. Le loro giornate dovevano essere regolate dalla periodica esposizione e sommersione della zona intertidale, con la sua ric-

chezza di molluschi e di crostacei. Anche se quegli uomini praticarono con ogni probabilità anche la caccia, le loro fatiche dovevano essere meglio remunerate quando essi rimanevano in prossimità della costa. Come abbiamo visto nel capitolo precedente, questa ricostruzione è confermata da dati genetici e archeologici, da cui si può desumere che in questa prima fase essi non si siano allontanati molto dalla costa. L'interno fu lasciato a cacciatori più attivi, i quali dovettero percorrere grandi distanze per procurarsi le risorse – animali, piante e acqua – necessarie alla sopravvivenza. Furono questi a fare il salto nell'ignoto, allontanandosi dalla costa e penetrando nelle zone selvagge dell'interno dell'Eurasia.

Uno degli enigmi della biologia è il fatto che le parti più temperate del mondo contengono in realtà gli animali di taglia maggiore. In ecologia c'è un'osservazione nota come la regola di Bergmann, la quale dice che le dimensioni corporee crescono all'aumentare della latitudine. Benché questa regola non sia rigorosamente vera per tutte le specie, è una buona generalizzazione. I mammut lanosi, i mammiferi terrestri più grandi delle ultime centinaia di migliaia di anni, vissero nelle tundre dell'estremo nord dell'Eurasia e dell'America. Nel mare c'è in realtà più massa biologica nelle parti più fredde del pianeta che non in quelle più calde. Nonostante l'incredibile diversità che si riscontra in una barriera corallina, la massa totale degli organismi vi è significativamente minore di quella che si trova in regioni più polari. Gli oceani polari, per esempio, contengono le più dense concentrazioni di plancton del mondo. Questi minuscoli vegetali e animali forniscono il nutrimento agli animali più grandi esistenti sulla Terra, le balene a fanoni: animali filtratori che, nel corso del tempo, sono diventati quasi totalmente dipendenti da questa fonte di cibo insolita, mentre le tracce della loro vita terrestre, risalente a decine di milioni di anni fa, prima di tornare in mare per ridiventare animali marini, sono oggi quasi invisibili.

Similmente, la foresta pluviale tropicale contiene un nu-

mero immenso di specie, ma la grandezza corporea – e densità – di ogni particolare specie è alquanto modesta. Inoltre, poiché tutte le sostanze nutrienti sono fissate negli organismi, il suolo è in realtà alquanto povero di minerali e di materia organica. Quanto al sottobosco, non è normalmente abbastanza denso da coprire il suolo in una foresta tropicale matura, nonostante lo stereotipo hollywoodiano degli esploratori che si aprono il cammino col machete. La tragedia della deforestazione sta nel fatto che è fin troppo facile, nello spazio di qualche anno, ridurre un ecosistema lussureggiante a un deserto privo di vita. L'ambiente tropicale è precariamente sospeso sul filo della fecondità e della morte, essendo estremamente sensibile anche a disturbi relativamente minori.

Sono invece più resistenti le regioni temperate. Benché la diversità delle specie ivi presenti sia solo una piccola frazione di quella che si osserva nella foresta pluviale, gli organismi che vi vivono hanno una migliore capacità di adattamento a cambiamenti anche drastici. Questa flessibilità si deve primariamente alle vicissitudini della vita nella zona temperata. Ai tropici, in conseguenza della stabilità del clima, le specie si sono evolute nel corso di decine di milioni di anni in condizioni virtualmente immutate (salvo che per variazioni nell'estensione geografica). Nello stesso periodo di tempo grandi tratti della massa continentale eurasiatica sono stati d'altra parte periodicamente coperti dai ghiacci o ridotti a deserti. Questo ciclo a lungo termine riflette in realtà la variazione annuale nella meteorologia che produce le stagioni della zona temperata: nello spazio di pochi mesi al caldo secco di un'estate mongola succedono gelide tempeste invernali. A causa delle grandissime variazioni ambientali che vi si verificano nelle zone temperate nel corso dell'anno, gli animali che vi vivono devono poter contare, per sopravvivere, su due adattamenti cruciali: investimento e migrazione.

Nello stesso modo in cui voi o io potremmo decidere di rinunciare alla gratificazione immediata di spendere ogni centesimo che guadagniamo, risparmiando un po' di soldi

per tempi difficili o per la vecchiaia, così nei tempi di abbondanza gli animali abituati a far fronte a difficoltà mettono da parte un po' delle loro risorse. Non è tanto una decisione cosciente, quanto un comportamento istintuale acquisito nel corso dell'evoluzione: un adattamento a una forma di vita che si svolge in una situazione di alti e bassi creata dalla meteorologia. Ogni primavera e ogni estate, per esempio, la tundra artica esplode in un'orgia di crescita e di riproduzione. Le piante fioriscono, emergendo sopra il permafrost per la prima volta in quasi dieci mesi. Le zanzare avvolgono tutto ciò che si muove in una nube tormentosa e i mammiferi che vivono nell'Artico – come la renna e il tricheco – procreano i loro piccoli. Durante questo periodo propizio, quando le temperature possono salire anche di 100 °C rispetto ai minimi toccati nell'inverno, può sembrare giusto pensare che l'estremo nord sia uno dei luoghi più produttivi sulla Terra, una massa pullulante di vita, ostinatamente impegnata in un'ultima esplosione prima che torni l'inverno e tutto ricominci a morire. C'è però un metodo nella follia degli organismi che vivono nell'estremo nord. È durante quest'epoca che ogni specie nell'Artico si prepara alla fine della festa, che arriverà puntualmente all'inizio di settembre, quando le temperature scenderanno di nuovo sotto il punto di congelamento dell'acqua. Nessun mammifero tropicale svilupperà mai il comportamento di accumulare riserve di grasso per garantirsi nutrimento nei tempi di carestia, mentre la maggior parte delle specie delle zone temperate lo fanno come cosa ovvia. Durante l'estate artica le renne aumentano il loro peso corporeo anche di un terzo, immagazzinando risorse per il lungo inverno senza luce. Ciò permetterà loro di sopravvivere a un periodo di scarsità che dura per il 70 per cento dell'anno, ma le riserve di grasso ne fanno, inoltre, una preda molto allettante per i carnivori.

Gli esseri umani, nel loro adattamento alla vita sulle pianure dell'Africa orientale, divennero sempre più abili nella caccia ai grandi mammiferi erbivori. Fra questi c'erano varie

specie di antilopi, un animale che è stato chiamato la « pizza da asporto » del Paleolitico Superiore. Uno dei cambiamenti di comportamento che possono essersi verificati intorno all'inizio del Paleolitico Superiore è la specializzazione di popolazioni umane nella caccia a particolari specie di prede, con presumibili adattamenti nei metodi di caccia e nelle armi. Le tecniche che si usano per abbattere una gazzella, per esempio, sono del tutto diverse da quelle che si potrebbero usare per uccidere un mammut o un rinoceronte. La specializzazione dovette permettere un uso efficiente delle risorse animali presenti in una regione, ma anche favorire lo spostamento dei gruppi umani, in quanto, con la scomparsa delle mandrie in una regione, diventava necessario mettersi in movimento per trovarne altre in luoghi più lontani. Pare abbia fatto la sua apparizione intorno a questo tempo anche la caccia stagionale; ci sono infatti prove che alcune antiche popolazioni umane seguivano le mandrie di grandi erbivori – specialmente antilopi – dai pascoli estivi sulle colline, in vista del Mediterraneo e del mar Rosso, fino alle più calde regioni costiere d'inverno. Furono forse questi graduali flusso e riflusso degli animali, nel corso di centinaia o di migliaia di anni, a condurre in Medio Oriente, attorno a 45.000 anni fa, gli esseri umani del tipo moderno, con il loro armamentario di utensili del Paleolitico Superiore.

La presenza dell'uomo moderno nel Levante (la regione orientale del Mediterraneo) risale ad almeno 100.000 anni fa, ma le sue popolazioni non furono mai estese e rimasero limitate a pochi siti. Durante questa prima fase dell'ultima epoca glaciale, il Mediterraneo orientale era in effetti un'estensione dell'Africa settentrionale, con condizioni climatiche e animali simili. I siti nelle caverne di Qafzeh e Skuhl, nell'attuale Israele, nell'epoca in cui furono occupati da esseri umani moderni contennero resti di animali etiopici. Poi, nel periodo compreso fra 80.000 e 50.000 anni fa, l'uomo moderno scomparve bruscamente da questi siti. In qualche caso fu sostituito dall'uomo di Neandertal, dal cranio spesso

e dallo scheletro robusto. Questo fatto ci fornisce un indizio su ciò che dovette accadere nel Levante a quest'epoca.

A partire da 80.000 anni fa circa, il clima stava diventando molto più freddo e le temperature intorno al Mediterraneo scendevano rapidamente. È probabile che la temperatura mondiale media sia scesa a quest'epoca di una decina di gradi, con effetti importanti sulla distribuzione delle piante e degli animali. Gli esseri umani arrivati in Medio Oriente dall'Africa, attraverso l'Egitto e il Levante, durante i tempi più umidi e più caldi si accorsero di non poter più contare su animali che avevano cacciato per migliaia di anni. Forse si estinsero, oppure tornarono semplicemente in Africa, ma non pare si siano spinti più avanti nella conquista dell'interno dell'Eurasia. Quegli antichi esseri umani vanno visti probabilmente come gli autori di un primo tentativo di penetrare nel mondo fuori dell'Africa, un tentativo non andato semplicemente a buon fine.

Poi, intorno a 45.000 anni fa, l'uomo moderno apparve nuovamente nel Levante. Questa volta, però, ci fu una differenza critica. Mentre gli uomini di 40.000 anni prima avevano usato utensili molto simili a quelli dei neandertaliani loro contemporanei, questi ultimi invasori portarono con sé il loro armamentario decisivo di utensili e armi perfezionati. Questi uomini erano gli eredi recenti del grande balzo in avanti, con la sua tecnologia avanzata e la sua cultura complessa. I loro utensili e il loro comportamento di cooperazione nella caccia, caratteristici del Paleolitico Superiore – quali emergono in modo chiaro nelle migrazioni stagionali e nella specializzazione nelle prede –, diedero loro un vantaggio rispetto ai predecessori. Una volta che arrivarono nel Medio Oriente, si aprì la porta per la conquista del resto del continente.

La via seguita nel loro *blitz* attraverso l'Eurasia è rivelata dalla genetica, cosicché nella prossima parte del viaggio dovremo mettere da parte pietre e ossa e tornare al nostro scavo del DNA.

6
LA LINEA EVOLUTIVA PRINCIPALE

> Qui [...], vedi, devi correre più che puoi, per restare nello stesso posto. Se vuoi andare da qualche altra parte devi correre almeno il doppio.
>
> Lewis Carroll, *Attraverso lo specchio*[1]

Come ho menzionato all'inizio del capitolo 5, la linea evolutiva dei marcatori del mio cromosoma Y risale a un polimorfismo noto come M168, che è il progenitore di tutti gli uomini che vivono attualmente fuori dell'Africa. Il polimorfismo M168 mi unisce ai migratori costieri arrivati in Australia, i quali fanno risalire, come me, la loro ascendenza a un progenitore vissuto in Africa circa 50.000 anni fa (vedi fig. 10 a pag. 248). Questo fatto situa tutti i non africani presenti in Australia subito dopo le prove archeologiche più antiche del grande balzo in avanti, e suggerisce l'esistenza di un rapporto causale fra quest'antica rivoluzione culturale e la migrazione degli esseri umani moderni usciti dall'Africa. Gli uomini rimasti in Africa dovevano essere pienamente moderni sotto ogni aspetto, come quelli che partirono: tecnologicamente, culturalmente e artisticamente. I risultati del DNA mitocondriale suggeriscono che una grande espansione delle popolazioni umane abbia avuto inizio intorno a quest'epoca, in accordo con l'espansione del loro habitat che osserviamo nella documentazione archeologica. I dati del cromosoma Y e quelli del DNA mitocondriale rimandano a due vie, una delle quali avrebbe seguito le coste fino all'Australia circa 50-60.000 anni fa. E che cosa dire dell'altra, che rende ragione della maggior parte delle persone esistenti oggi nel mondo?

Prima di cominciare a ricostruire l'ordine degli ulteriori

marcatori sulla mia linea genealogica, e il loro significato per la nostra storia, dobbiamo chiarire che cosa significhi in realtà tale ordine. Ci sono qui da considerare due problemi, ed entrambi implicano il tempo. Il primo è quello che potremmo chiamare della datazione relativa. Per capire questo fatto, vale la pena di fare un'altra visita nella nostra ipotetica cucina. Come le ricette materne e paterne di brodi, anche le ricette genetiche che noi tutti abbiamo ereditato contengono una combinazione di ingredienti, o marcatori, che le distinguono dal brodo di qualsiasi altra persona. Per stabilire l'ordine in cui gli ingredienti furono modificati, dobbiamo confrontare molte ricette diverse prima di cominciare a percepire un senso. Facciamo perciò un po' di cucina genetica.

Immaginiamo di organizzare una cena internazionale alla buona, in cui si chiede a ogni invitato di portare un brodo specifico del proprio Paese. Nella nostra cucina abbiamo varie decine di piatti di brodo disposti sul tavolo. Ognuno è stato fatto sulla base di una ricetta leggermente diversa, ma tutte le ricette derivano da una stessa ricetta originaria. Come lo sappiamo? Perché ogni ricetta usa come ingrediente base l'impala, una specie di antilope che si trova in natura solo in Africa. È estremamente difficile trovare carne di impala in molte parti del mondo, ma essa è l'ingrediente fondamentale di tutte le ricette di brodo di impala e quindi dev'essere inclusa.

Assaggiando i brodi, cominciamo a scoprire altre cose. Alcune ricette contengono pepe nero, mentre altre contengono sale. Queste sono le due categorie principali di brodo: o si ha il pepe o si ha il sale. Fra le ricette insaporite col sale ci sono molte altre varianti: alcune comprendono pesce, altre orzo, altre ancora hanno spezie insolite che non riusciamo a identificare, ma tutte hanno in comune il sale. Analogamente, le ricette col pepe nero comprendono anche qualcuno di una grande varietà di altri ingredienti – timo, bacche, maiale, noci –, ma tutte contengono pepe nero.

In questo gioco delle ricette ci serviremo del rasoio di Oc-

cam applicato al mutamento storico per inferire l'ordine in cui gli ingredienti furono aggiunti. Se supponiamo che l'aggiunta di ingredienti si verifichi a un ritmo regolare, e che non ci sia perdita o sostituzione di ingredienti una volta che siano stati aggiunti, allora gli ingredienti più comuni devono essere stati aggiunti per primi: ciò perché quest'ordine minimizza il numero totale di cambiamenti richiesti per spiegare le ricette del brodo. Per esempio, prendendo in considerazione cinque fra i piatti di brodo disposti sul tavolo, potremmo trovare le seguenti ricette:

- impala, senape, pepe nero, formaggio, origano
- impala, sale, more, arachidi, peperoncini piccanti
- impala, senape, pepe nero, mitili, basilico
- impala, pepe nero, granchi, cipolle, bacche di ginepro
- impala, sale, timo, prezzemolo, carne di maiale

Che cosa possiamo dire sull'ordine in cui sono stati aggiunti gli ingredienti? La prima cosa è che tutti i brodi contengono l'impala. La spiegazione più probabile è quindi che anche il brodo originario contenesse l'impala: questa ipotesi è molto più probabile che se tutti i cuochi avessero deciso indipendentemente di aggiungere l'impala a un certo punto della preparazione. Ricordiamo che quest'ingrediente è estremamente difficile da trovare nella maggior parte del mondo. La seconda cosa chiara è quella che abbiamo già notato: alcune ricette contengono sale mentre altre contengono pepe. In virtù dello stesso ragionamento che ci ha indotti a considerare l'impala il primo ingrediente nella lista, in quanto minimizza il numero di cambiamenti indipendenti di ingredienti identici, l'alternativa sale o pepe definisce l'aggiunta successiva alla ricetta. Troviamo poi in altre due ricette la senape, cosa che ne fa l'aggiunta successiva dopo quella del pepe nero. Abbiamo quindi derivato un ordine per l'aggiunta degli ingredienti da parte dei nostri progenitori: impala, seguito da sale/pepe, seguito (sulla linea genealogica del pepe) dalla senape. Dal caos emerge gradualmente l'ordine.

Nel caso delle nostre ricette di brodo, può sembrare che abbiamo scelto di ignorare la possibilità che uno stesso ingrediente possa essere stato aggiunto in due ricette in modo autonomo. Perché mai la senape non potrebbe apparire, per esempio, anche nelle ricette col sale? Benché la cosa sia ovviamente possibile, tanto più per ingredienti comuni, dovremmo immaginare in realtà che gli ingredienti aggiunti al brodo siano varietà rare, coltivate localmente e prodotte in piccole quantità, disponibili solo in piccole botteghe locali. In questo caso sarebbe praticamente impossibile che un cuoco del Messico e uno della Namibia usassero lo stesso tipo di senape: il nostro palato raffinato ne coglierebbe subito la differenza. Aggiungere indipendentemente lo stesso ingrediente sarebbe quasi impossibile.

Questo tipo di procedimento è esattamente quello che abbiamo usato per i marcatori che definiscono le nostre linee genetiche. Se l'M168 è un marcatore comune a tutte le popolazioni non africane, esso è nelle nostre ricette genetiche l'equivalente dell'impala: il marcatore che unisce tutti gli esseri umani fuori dell'Africa. Se poi la linea evolutiva del nostro brodo si divide in sale e pepe, possiamo immaginare che l'M130 – il nostro marcatore australiano – sia il sale genetico, mentre il pepe è rappresentato da un altro marcatore, noto come M89. In conseguenza dell'ordine in cui gli ingredienti sono stati aggiunti, possiamo inferire che l'M130 e l'M89 abbiano press'a poco la stessa età. Poiché sappiamo che l'uomo moderno era presente in Australia fra 50.000 e 60.000 anni fa, e l'M130 non è stato trovato in Africa, possiamo vedere in tale datazione il limite superiore per l'età di questi marcatori: è probabile che essi abbiano avuto origine a quell'epoca o dopo. L'archeologia ci fornisce un modo indipendente di stimare tale età. Ma non potremmo congetturarla anche usando solo dati genetici?

La risposta è: « sì », e il procedimento in gioco ci riporta al metodo di datazione relativa che abbiamo usato per assegnare l'ordine degli ingredienti. Come nel caso dei metodi di

Carta 3. L'Eurasia.

Mare di Bering

datazione isotopica di cui ci siamo occupati nel capitolo 4 – e particolarmente di quelli con nomi che incutono soggezione –, per i metodi genetici di datazione assoluta c'è una possibilità di errore elevata, in quanto nelle date che vengono calcolate sono impliciti alcuni assunti. Questi metodi ci forniscono tuttavia una stima dell'età dei marcatori – e quindi degli individui che li portano – che è indipendente dalla datazione archeologica. Per illustrare come funzioni questo metodo, cercheremo di usare le nostre ricette del brodo per calcolare l'età assoluta degli ingredienti: in altri termini il periodo del passato in cui gli ingredienti furono aggiunti per la prima volta alla ricetta.

La prima condizione per una datazione assoluta, come ho menzionato sopra, è che gli ingredienti vengano aggiunti a un ritmo regolare. La seconda è che un ingrediente, una volta aggiunto, diventi un componente permanente della ricetta: non c'è alcun modo per eliminarlo in un secondo tempo se non vi piace. A partire da queste due regole è facile predire che, nel corso del tempo, le ricette del brodo devono diventare sempre più complicate. Quanto più a lungo hanno accumulato ingredienti, tanto maggiore dovrebbe essere la loro diversità. E poiché gli ingredienti sono stati aggiunti da particolari persone vissute in passato, essi sono una firma dei nostri progenitori. Così, datando gli ingredienti, noi datiamo di fatto i cuochi che ci hanno trasmesso le diverse versioni della ricetta.

Supponiamo che gli ingredienti siano stati aggiunti al ritmo di uno ogni dieci generazioni. La maggior parte delle persone si accontenta di cucinare la stessa ricetta dei propri genitori, ma ogni dieci generazioni circa salta fuori un tizio un po' più difficile che deve apportare un piccolo cambiamento alla ricetta per «migliorarla». Noi possiamo usare questo fatto per stimare quante generazioni fa sia stato preparato per la prima volta il brodo con l'impala. In ognuna delle ricette presentate sopra ci sono quattro ingredienti aggiunti, cosicché abbiamo accumulato cambiamenti per cir-

ca quaranta generazioni (4×10). Se supponiamo che da una generazione all'altra passino, in media, venticinque anni (l'età media dei genitori quando hanno figli), troviamo che le ricette devono avere accumulato cambiamenti per un migliaio di anni. Se ne deduce che la persona che cucinò il primo brodo di impala visse un migliaio di anni fa. Considerando inoltre in quali aree sono disponibili oggi gli ingredienti via via introdotti, possiamo congetturare dove sia vissuto ogni volta l'innovatore. Se supponiamo che ogni nuovo ingrediente aggiunto sia il frutto di una produzione locale, dove è probabile che sia vissuta la prima persona che cucinò il brodo di impala? Poiché l'impala è una specie africana, l'Africa è il luogo d'origine più probabile della ricetta.

Così, esaminando le diverse versioni del brodo, e facendo qualche assunto sul modo in cui si passa dall'una all'altra, abbiamo conseguito due risultati. Abbiamo derivato un ordine per l'aggiunta degli ingredienti e abbiamo potuto stimare il tempo e il luogo in cui gli ingredienti furono aggiunti. In altri termini, abbiamo fatto un po' di degustazione e un po' di matematica per scoprire il *chi*, *dove* e *quando* della storia del brodo. Una cosa davvero sorprendente, poter desumere così tante informazioni da così pochi sapori.

Come, assaggiando il brodo, possiamo scoprire delle cose sul passato della cucina, così l'«assaggio» genetico – che chiamiamo campionamento genetico – può dirci molto sul passato dell'uomo. Inferendo date relative e assolute, e domandandoci quale sia stato il luogo d'origine più probabile, possiamo effettivamente ricostruire antiche migrazioni genetiche nel mondo. Il primo luogo di sosta è al margine di un'onda mediterranea di riflusso, subito prima che il mondo fosse colpito da un grande periodo di siccità, che intorno a 45.000 anni fa intrappolò alcuni gruppi umani in Medio Oriente.

Barriere continentali

Come abbiamo visto, il Medio Oriente è sempre stato un'estensione dell'Africa nordorientale, sia per i grandi erbivori sia per gli esseri umani che davano loro la caccia. Era stato così anche milioni di anni prima, quando l'*Homo erectus* si era trasferito nel Caucaso passando per il Levante subito dopo essere apparso in Africa. Fra la patria degli ominidi nella Rift Valley e il benigno clima mediterraneo si estende però il margine orientale del deserto del Sahara. Ciò ci fornisce un indizio circa il tempo e la via che possiamo usare per verificare le nostre stime genetiche.

I principali elementi della geomorfologia – mari, deserti e montagne – hanno sempre frapposto ostacoli alla dispersione degli organismi viventi. La flora e la fauna uniche dell'Oceania, per esempio, hanno potuto conservare caratteri peculiari grazie alla presenza di una barriera d'acqua ininterrotta fra questo continente e il resto del mondo. Similmente, anche le montagne possono frapporre barriere al movimento. Esse operano in un certo senso come i pilastrini con elementi catarifrangenti che servono a indirizzare il traffico automobilistico.

Mentre mari e montagne frappongono grandi barriere al movimento (almeno alla scala dell'evoluzione umana), i deserti sono molto più fluidi. Come abbiamo visto per le foreste e savane africane, anche i deserti sono intercambiabili con altri ecosistemi. Se la piovosità diminuisce oltre una certa soglia, da un giorno all'altro una prateria può trasformarsi in un deserto, così come l'aumento della piovosità può strappare al deserto terreni fertili in modo altrettanto improvviso. Perciò i deserti dovrebbero essere visti piuttosto come ecosistemi in flusso e riflusso, che si espandono in periodi di clima secco e si contraggono quando l'umidità diventa più abbondante: come onde che lambiscono i margini degli altri ecosistemi. Parafrasando un vecchio detto inglese sul tempo, se non ti piace il deserto, aspetta solo qualche secolo e cambierà.

Il deserto più grande del mondo si trova in Africa: è il Sahara. Esso evoca immagini di dune, dromedari, oasi, palme da datteri e un caldo estremo: il suo nome è quasi sinonimo di deserto. Esso ha frapposto una barriera quasi invalicabile agli spostamenti umani per quasi tutta la storia documentata, tanto che l'Africa viene suddivisa dai geografi in due zone: sahariana e subsahariana. La regione sahariana è stata storicamente più vicina al mondo mediterraneo, poiché l'insediamento umano era limitato a una stretta striscia lungo la costa. La zona subsahariana, ben oltre la sesta cateratta faraonica del Nilo, era un luogo lontano e misterioso, isolato da una striscia di sabbia di 2000 chilometri e dal caldo: senza dubbio una grande barriera.

Il Sahara, però, non fu sempre così. Nelle prime fasi dello sviluppo umano moderno fu un luogo relativamente umido, con un'importante presenza umana. Vi sono stati trovati dappertutto siti del Paleolitico Medio, risalenti a 80.000-100.000 anni fa, e la presenza umana è scomparsa solo all'accelerarsi dell'ultima epoca glaciale, circa 80.000 anni fa. Pare che intorno a 50.000 anni fa – quando l'emisfero boreale si scaldò leggermente: fenomeno destinato a durare per qualche migliaio di anni – ci sia stata una « punta » isolata di temperature più elevate (e quindi di aumento della piovosità), ma la tendenza generale, da 70.000 anni a questa parte, fu caratterizzata da temperature sempre più basse. Nel caso dell'Africa ciò significò condizioni di sempre maggiore siccità ed espansione del Sahara. Possiamo desumerlo da un aumento della sabbia nei sedimenti del Mediterraneo a quest'epoca, oltre che dalla scomparsa di specie di savana dal deserto stesso.

I primi gruppi umani del Paleolitico Superiore potrebbero essere giunti in Medio Oriente durante le condizioni relativamente calde e umide vigenti intorno a 50.000 anni fa, quando il Sahara orientale stava ritirandosi, e contemporaneamente veniva ad aprirsi una via lungo il mar Rosso. Forse emigrarono lungo il Nilo fino al Mediterraneo, dopo di che

si diffusero a est passando per la penisola del Sinai. Oppure, alternativamente, antiche popolazioni umane potrebbero avere attraversato lo stretto di Bab el-Mandeb entrando nell'Arabia meridionale: un breve balzo di una ventina di chilometri circa. Una volta giunti in Arabia, le condizioni relativamente umide lungo la catena montuosa costiera dell'Arabia occidentale – che raccoglieva l'umidità dai venti prevalentemente occidentali spiranti dal mar Rosso – potrebbero avere creato per queste popolazioni del Paleolitico Superiore condizioni di caccia simili a quelle della savana. Ancora oggi nell'Arabia Saudita c'è una stretta striscia di steppa che si estende a nord fino alla città di Medina, unica nel duro ambiente che definisce la maggior parte della penisola arabica. In passato questo tenue ambiente di steppa potrebbe essere stato in comunicazione col suo equivalente ecologico che si estendeva verso sud dal golfo di Aqaba in Giordania, aprendo a tutti gli effetti una porta per entrare nell'interno dell'Eurasia.

Il neurobiologo William Calvin, che ha scritto molto sul clima e sugli inizi dell'evoluzione umana, ha paragonato il Sahara a una sorta di «pompa» degli ominidi. Nei periodi più umidi il Sahara dovette fornire sostentamento a popolazioni umane, forse concentrate intorno a oasi o a fiumi, o limitate a zone che ricevevano umidità dai venti dominanti. Quando le condizioni diventavano più secche, il Sahara tornava a essere un deserto inabitabile, costringendo gli esseri umani a emigrare. Calvin avanza l'ipotesi che il peggioramento del clima avvenuto a partire da 50.000 anni fa circa possa avere dato impulso all'emigrazione dall'Africa degli uomini del Paleolitico Superiore, e al loro ingresso nel Medio Oriente.

Ma comunque i primi uomini moderni siano giunti nel Levante, è chiaro che il deterioramento del clima avvenuto intorno a 45.000 anni fa li bloccò efficacemente nella loro nuova patria. Il Sahara deve avere avuto i suoi periodi di maggiore siccità fra 40.000 e 20.000 anni fa, ed è probabile

che qualsiasi area in precedenza abitabile esistita in esso sia stata inghiottita a quest'epoca dal deserto. Gruppi consistenti di esseri umani moderni si trovarono ora intrappolati in un nuovo continente.

La genetica conferma queste conclusioni, e ci fornisce l'indizio successivo sul nostro viaggio. L'M89 – il marcatore che aveva fatto la sua apparizione subito dopo l'M168 sulla linea principale dei gruppi umani entrati in Eurasia – è stato datato, usando il metodo assoluto specificato sopra, a circa 40.000 anni fa. A causa di possibili errori negli assunti che entrano nel calcolo – in particolare nel determinare il ritmo con cui si verificano nuove mutazioni –, questa stima ammette in realtà un ambito di variazione compreso fra 30.000 e 50.000 anni, ed è probabile (tenendo conto dei dati climatici) che la sua apparizione sia più vicina all'estremo anteriore di questo ambito, intorno a 45.000-50.000 anni fa. Questo perché una data così antica servirebbe a unire le popolazioni che vivevano nell'Africa nordorientale – in particolare Etiopia e Sudan – con le popolazioni del Levante. La chiusura della porta del Sahara dopo il passaggio di queste popolazioni portatrici del marcatore M89 è suggerita dalla bassa frequenza nell'Africa nordorientale dei marcatori eurasiatici occorsi *successivamente* sulla linea dell'M89. Se l'Africa e il Levante fossero appartenuti a un'estensione geografica continua occupata da esseri umani nell'intero Paleolitico Superiore, ci attenderemmo di vedere dappertutto una distribuzione relativamente omogenea dei marcatori. Pare invece che l'emigrazione delle popolazioni portatrici dell'M89, che possiamo considerare un marcatore proprio del Medio Oriente, abbia segnato l'ultimo scambio consistente nel Paleolitico Superiore fra Africa subsahariana ed Eurasia. Il mondo era stato diviso in africani ed eurasiatici, e sarebbero trascorse decine di migliaia di anni prima che avesse luogo di nuovo un altro scambio significativo.

La presenza del marcatore M89, sia nell'Africa nordorientale sia nel Medio Oriente, e l'età dei siti archeologici del Pa-

leolitico Superiore nel Levante ci aiutano a rispondere alla domanda se l'Eurasia sia stata o no colonizzata nel corso di una singola emigrazione costiera dall'Africa. Il marcatore M130 non si trova in Africa, suggerendo che questo marcatore costiero abbia avuto origine su un cromosoma Y portatore dell'M168 in cammino verso l'Australia (vedi fig. 10 a pag. 248). Inversamente, cromosomi Y con l'M89 non si trovano in Australia o nell'Asia sudorientale, mentre appaiono con una frequenza abbastanza elevata nell'Africa nordorientale. Se ne desume che l'M89 è apparso poco dopo l'M130, in una popolazione rimasta indietro in Africa dopo che gli emigranti costieri avevano già iniziato il loro viaggio per l'Australia. Furono queste popolazioni, senza il marcatore M130, a colonizzare per la prima volta il Medio Oriente. Ci sono prove archeologiche di una presenza umana moderna nel Levante intorno a 45.000 anni fa, in accordo con l'arrivo di esseri umani moderni da qualche altro luogo. L'Africa nordorientale è l'unico luogo vicino con siti archeologici risalenti press'a poco allo stesso periodo, e, elemento cruciale, con gli stessi marcatori genetici che troviamo nel Levante. Genetica e archeologia ci dicono dunque che ci fu una seconda immigrazione dall'Africa nel Medio Oriente.

Una volta che i nostri gruppi migratori del Paleolitico Superiore furono arrivati nel Levante, era aperta la via verso il cuore dell'Eurasia. C'era una superstrada continua della steppa – non diversa dalla savana africana in termini di composizione per specie – che si estendeva dal golfo di Aqaba all'Iran settentrionale, e al di là di esso all'Asia centrale e alla Mongolia. Una volta superato l'ostacolo del Sahara, la successiva dispersione di questi esseri umani anatomicamente moderni sarebbe stata limitata solo dalla loro voglia di spostarsi. Essi avevano tutte le capacità intellettive richieste per conquistare il continente, e il processo ebbe inizio con migrazioni graduali lungo questa superstrada della steppa, l'equivalente continentale della superstrada lungo la costa sud.

A quest'epoca doveva esserci abbondanza di selvaggina. I

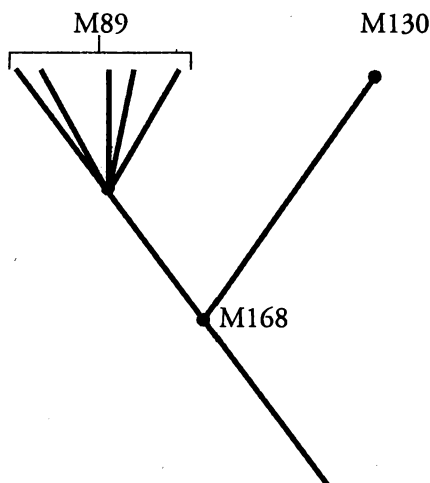



Figura 6. Il marcatore M89 definisce la linea evolutiva principale del cromosoma Y nei non africani.

grandi mammiferi erbivori delle steppe – in particolare antilopi e bovidi, gli antenati dei nostri bovini domestici – dovevano essere una facile preda per quegli uomini preistorici, che dovettero espandere gradualmente il loro habitat al crescere del loro numero. Muovendo verso nord e verso ovest, alcuni potrebbero essere entrati presto nella penisola balcanica, primi rappresentanti dell'uomo moderno in Europa. Il loro numero non dovette però essere molto grande, essendo molto più facile restare entro i confini della zona delle steppe, a cui si erano così ben adattati. Le montagne e le foreste temperate della penisola balcanica dovettero sembrare un ambiente piuttosto estraneo ai primi uomini del Paleolitico Superiore, e i dati genetici lo confermano. Pochissimi europei attuali derivano direttamente dalle popolazioni umane del Levante di 45.000 anni fa, come attestano i risultati dell'esame del cromosoma Y. La nostra linea canonica levantina del Paleolitico Superiore, portatrice del marcatore M89, si trova nell'Europa occidentale con frequenze di solo poche

unità per cento. Potrebbero essere stati questi pochi immigrati dal Medio Oriente a introdurre in Europa i primissimi segni del Paleolitico Superiore – una cultura nota come Chatelperroniano –, ma essi non lasciarono tracce stabili. La vera conquista dell'Europa, e la fine del Mousteriano, avrebbero dovuto attendere un'altra ondata di immigrazione: popolazioni con alcuni altri ingredienti nel loro brodo genetico.

Avanti verso est!

La massa principale delle popolazioni del Paleolitico Superiore cominciò a disperdersi verso est. Come nel caso di altre antiche migrazioni umane, quasi certamente questo movimento non fu ispirato da un desiderio cosciente di spostarsi da un luogo all'altro. Pare piuttosto che la fascia continua di steppa che attraversava l'Eurasia abbia offerto un modo facile di graduale dispersione, al seguito delle migrazioni spontanee delle mandrie. Fu a quest'epoca che sulla linea evolutiva dell'M89 apparve un altro marcatore, che ricevette il nome di M9. Furono i discendenti di M9, un uomo nato forse 40.000 anni fa sulle pianure iraniche o nell'Asia centrale meridionale, a espandere il proprio habitat sino ai confini estremi della Terra nel corso dei successivi 30.000 anni. Chiameremo questo popolo portatore del marcatore M9 il clan eurasiatico.

Quando i cacciatori delle steppe migrarono verso est, portando nell'interno del continente le linee evolutive eurasiatiche, incontrarono barriere geografiche più difficili da superare di quelle incontrate in passato. C'erano le grandi catene di montagne che definiscono gli altipiani dell'Asia centrale meridionale: l'Hindu Kush, che corre da ovest verso est, l'Himalaya, da nord-ovest a sud-est, e il Tienshan, da sud-ovest verso nord-est. Le tre catene si incontrano, nel cosiddetto nodo orografico del Pamir, nell'attuale Tagikistan, e ognuna delle tre catene si irradia da questo nodo come un raggio dal centro di una ruota.

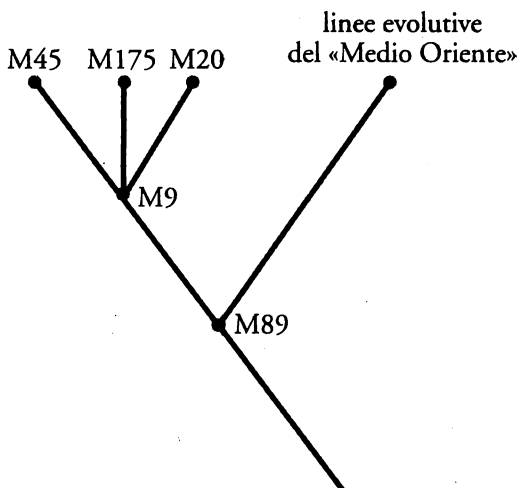



Figura 7. Le linee evolutive discendenti dall'M89 che caratterizzano le principali regioni geografiche dell'Eurasia.

I primi esseri umani che videro tali montagne dovettero concepirne una grande ammirazione e venerazione. Le montagne dello Zagros, nell'Iran occidentale, in cui si erano già imbattuti, formavano una catena valicabile, con numerose valli e passi accessibili che dovevano comunque permettere una grande facilità di movimento. I monti dello Zagros dovevano inoltre far parte dell'ambito geografico in cui vivevano le specie di prede cacciate dagli uomini del Paleolitico Superiore, con le mandrie che emigravano in pascoli più alti d'estate e scendevano in pianura d'inverno. Le alte montagne dell'Asia centrale erano invece un ostacolo del tutto diverso. Ognuna di tali catene aveva picchi che salivano fino a 5000 metri o più (e nel caso del Tienshan e dell'Himalaya anche oltre i 7000 metri), e le catene montuose alle grandi altitudini avrebbero frapposto ostacoli terribili al movimento. Ricordiamo che il mondo era stretto nella morsa dell'ultima epoca glaciale, e che le temperature dovevano essere molto più basse di oggi. Fu proprio a causa di queste mon-

tagne che i nostri migratori eurasiatici dovettero dividersi in due gruppi, uno dei quali si diresse verso le regioni a nord dell'Hindu Kush, mentre l'altro si avviò verso sud, nel Pakistan e nel subcontinente indiano. Come lo sappiamo? Ancora una volta è il cromosoma Y a permetterci di ricostruire il percorso.

I gruppi che si diressero a nord, verso l'Asia centrale, ebbero sulla loro linea evolutiva eurasiatica anche altre mutazioni, di cui ci occuperemo fra poco. Quanto alle popolazioni del Paleolitico Superiore che si diressero verso sud, avevano sul loro cromosoma Y una mutazione indipendente nota come M20. Essa non si trova in misura apprezzabile fuori dell'India. Presente in alcune popolazioni del Medio Oriente con una frequenza compresa forse fra l'1 e il 2 per cento, compare nell'India meridionale in più del 50 per cento della popolazione maschile. Questo fatto suggerisce che essa segni la più antica colonizzazione significativa dell'India, formando un sostrato genetico esclusivo di questa popolazione – che chiameremo il clan indiano –, che si distingue da posteriori migrazioni da nord. I progenitori del clan indiano, arrivati nell'India meridionale intorno a 30.000 anni fa, devono avervi incontrato i precedenti migratori costieri che vi vivevano ancora. Dall'analisi del materiale genetico pare probabile che un'eventuale mescolanza fra le due popolazioni non abbia avuto carattere di reciprocità: come abbiamo visto nel capitolo 4, il DNA mitocondriale conserva forti tracce dei migratori costieri nella forma dell'aplogruppo M, mentre il cromosoma Y mostra primariamente tracce di successivi immigranti dal nord. Ripensando allo scenario che abbiamo immaginato per l'origine del Paleolitico Superiore in Africa, questa è la configurazione che ci attenderemmo di vedere se gli invasori avessero preso *donne* dalla popolazione costiera, mentre gli *uomini* della costa fossero stati scacciati, uccisi, o semplicemente privati della possibilità di riprodursi. Il risultato di una situazione del genere sarebbe la diffusa introduzione di linee evolutive M del DNA mitocondriale

nella popolazione indiana, mentre le linee evolutive costiere del cromosoma Y non sarebbero altrettanto comuni, che è esattamente la situazione che constatiamo. Oggi la frequenza del marcatore costiero nell'India meridionale è solo del 5 per cento circa, e cala di frequenza se ci spostiamo verso nord. Questo modello suggerisce che il contributo della popolazione costiera sia stato minimo, almeno per la parte maschile. Il contrasto fra i due tipi di dati ci dà un'idea del comportamento di questi antichi indiani, e accenna a un modello culturale che esploreremo in modo più dettagliato nel capitolo 8.

Le masse di migratori eurasiatici non si diressero ovviamente solo verso l'India, ma alcune popolazioni si incamminarono verso il cuore dell'Asia centrale, a nord dell'Hindu Kush. Il Tienshan dev'essere stato una barriera ancora più invalicabile dell'Hindu Kush, tenendo i cacciatori del Paleolitico Superiore fuori della Cina occidentale. È attorno a quest'epoca che si verificò un'altra mutazione sulla linea genealogica eurasiatica. Essa è nota come M45, e ci aiuterà a ricostruire due migrazioni posteriori molto importanti. Usando metodi di datazione assoluta, possiamo inferire che essa si sia verificata press'a poco 35.000 anni fa nell'Asia centrale. Oggi il marcatore M45 si trova solo nelle popolazioni dell'Asia centrale e in quelle che provengono da questa regione, e quindi definisce un clan dell'Asia centrale. I discendenti di questo clan possono trovarsi solo sporadicamente in Medio Oriente e nell'Asia orientale, e con una frequenza un po' maggiore in India, dove pare che il clan sia migrato molto tempo dopo (come rivela la presenza di altre mutazioni). La forma «ancestrale» – la divisione più antica nella genealogia dei cromosomi Y del clan centroasiatico – si trova solo nell'Asia centrale. Questo fatto ci permette di identificare esattamente il luogo d'origine di quello che è a tutti gli effetti un «Adamo regionale», in modo molto simile a quello con cui abbiamo identificato il nostro Adamo africano come un antenato dei boscimani san. I rami più antichi

della genealogia M45 si trovano oggi solo nell'Asia centrale, non in India, o in Europa, o nell'Asia orientale. La mutazione M45 si verificò quindi nell'Asia centrale.

La distribuzione limitata dei discendenti più antichi del clan centroasiatico suggerisce che la popolazione in cui esso prese forma fosse isolata rispetto ai popoli che vivevano nelle parti circostanti del continente. Mentre la barriera dell'Hindu Kush spiega la difficoltà di migrazioni verso l'India, non è chiaro perché tale popolazione non abbia avuto contatti con gruppi che vivevano in Medio Oriente. Dopotutto, il nostro clan eurasiatico era migrato nell'Asia centrale proprio provenendo dal Medio Oriente: perché dunque il clan centroasiatico non avrebbe potuto percorrere la stessa strada in senso inverso? L'ipotesi più probabile è che sia subentrata, a quest'epoca, nella storia un'altra barriera, e dato che essa non era stata un ostacolo insuperabile varie migliaia di anni prima, quando i progenitori del clan centroasiatico erano migrati per la prima volta nel cuore del continente, è probabile che sia apparsa dopo quella prima migrazione.

Oggi i deserti del Dasht-i Kawir e del Dasht-i Lut, nell'Iran centrale, sono paesaggi desolati, aridi e riarsi. Le piccole popolazioni che vi vivono si procurano i loro scarsi mezzi di sussistenza usando un sistema di agricoltura altamente sviluppato, completo di chilometri e chilometri di canali di irrigazione sotterranei noti come *ghanat*, che sono in uso da migliaia di anni. Nelle ore più calde del giorno gli abitanti di città come Yazd si ritirano in camere sotterranee rinfrescate da vento incanalato in lunghi tubi, creando un lamento impressionante che può essere udito a chilometri di distanza. È inconcepibile che qualcuno possa sopravvivere a lungo in un clima così duro senza uno stile di vita così ben adattato. Similmente, i deserti dell'Asia centrale del Karakum e del Kyzylkum sono luoghi aridi e desolati, con pochissimi abitanti a parte alcuni pastori nomadi.

Ci sono però due fasce di steppa continua che attraversano i deserti dell'Iran centrale: una a nord dei deserti, nei

pressi del Caspio, e l'altra a sud, in prossimità del golfo Arabico. Quando il mondo si trovò nel pieno della sua schizofrenia climatica, circa 40.000 anni fa, è probabile che le steppe e i deserti dell'Iran e dell'Asia centrale abbiano avuto periodi in cui la quantità di umidità atmosferica dovette essere simile a quella attuale, o forse maggiore. Questa situazione potrebbe essere stata favorita da mutamenti nei venti prevalenti, che portavano vapore acqueo dal mare Arabico. Durante tali periodi relativamente umidi, che potrebbero essere stati brevi, gli esseri umani devono essere stati in grado di migrare abbastanza facilmente attraverso l'altopiano iranico fino a penetrare nell'Asia centrale: anche in questo caso prede e metodi di caccia dovettero essere virtualmente identici nel corso dell'intero viaggio. Sappiamo che fu così a causa della traccia genetica che queste popolazioni lasciarono nei loro discendenti, delineando un percorso diretto dal Levante all'Asia centrale.

Una volta che l'epoca glaciale ebbe raggiunto una temperatura di soglia, però, ci fu una diminuzione significativa nelle precipitazioni e nell'umidità, quando l'evaporazione cessò e l'acqua cominciò a congelarsi in lastroni di ghiaccio in espansione nell'estremo nord. Pare che ciò sia accaduto fra 40.000 e 20.000 anni fa, sfociando nella creazione di una nuova barriera desertica sulla via di tali popolazioni. Il continente venne ora a trovarsi diviso in regioni distinte, settentrionale, meridionale e occidentale, con popolazioni proprie, tutte avviate ad affrontare la parte più fredda dell'epoca glaciale. I gruppi umani che vivevano in India e nel Levante ebbero ora il beneficio del mare, che servì a mitigare gli effetti delle condizioni climatiche sempre più fredde e secche. Le popolazioni bloccate a nord dell'Hindu Kush dovettero, invece, adattarsi allo stile di vita sempre più rigido delle steppe eurasiatiche, o morire.

Queste antiche popolazioni dell'Asia centrale sarebbero probabilmente rimaste negli ambienti relativamente caldi delle steppe meridionali se l'avanzare della desertificazione

non le avesse costrette a spostarsi più a nord. Alcune rimasero indietro, ritirandosi sulle pendici dell'Hindu Kush, dove l'approvvigionamento di acqua, proveniente dalla fusione dei ghiacci, e il numero degli animali erano sufficienti per la sopravvivenza. I più, però, pare abbiano seguito le mandrie migranti nel nord, sfidando il clima gelido. Essi raggiunsero probabilmente la Siberia durante la prima parte di questo periodo, attorno a 40.000 anni fa, quando fecero la loro apparizione sulle montagne dell'Altai gli utensili del Paleolitico Superiore. Ivi trovarono condizioni inimmaginabilmente diverse da quelle che i loro progenitori avevano lasciato in Africa 10.000 anni prima. Le temperature invernali scesero a – 40 °C e oltre, e queste popolazioni avrebbero speso gran parte del loro tempo alla ricerca di cibo e in sforzi per conservare il calore. Gli animali che essi stavano cacciando, però, meritavano di affrontare quelle difficoltà.

Abbiamo visto in precedenza che le specie che vivono alle grandi latitudini hanno in generale grandi dimensioni: è la regola di Bergmann. La ragione è che gli animali di grande mole hanno un rapporto superficie/volume minore di quelli più piccoli, e quindi sono meno esposti alla perdita di calore. Il toporagno deve mangiare costantemente per conservare il suo iperattivo metabolismo, anche perché le sue dimensioni minime gli rendono estremamente difficile la conservazione del calore corporeo. In ambienti freddi, quindi, c'è una selezione a favore dei grandi animali, dal metabolismo più lento: animali grossi, pesanti, che non sono particolarmente agili (questo adattamento è reso necessario dal fatto che le risorse di cibo non vi sono altrettanto abbondanti che nelle regioni più calde). Ecco perché la selezione naturale ha creato animali come il mammut lanoso.

La prima popolazione del Paleolitico Superiore che si imbatté in un mammut, probabilmente nella Siberia meridionale o nell'Asia centrale, dev'essere stata assai più che un po' intimidita. Mentre le prede tradizionali di quegli abili cacciatori dovevano essere forse due o tre volte più grandi di lo-

ro, i mammut avevano la mole di un piccolo autobus, con in più zanne terrificanti e un folto pelo. Mentre osservavano quegli strani giganti, però, dovettero scoprire anche che la loro grande mole li rendeva lenti e goffi. Possedendo la tecnica di caccia giusta, e le armi giuste, era possibile ucciderli. E una volta fatto ciò, la carne di uno di quegli animali avrebbe fornito cibo per settimane, cosicché valeva la pena di compiere tale sforzo.

È probabile che gli esseri umani del Paleolitico Superiore ricavassero cibo anche dalle carcasse di mammut morti per altre cause. Sulla base dei resti di animali trovati in siti del Paleolitico Superiore nell'Africa australe, l'antropologo Lewis Binford ha suggerito che il consumo di carogne fosse una parte consistente della dieta delle antiche popolazioni umane. Benché il problema di quale potesse essere il rapporto tra il consumo di carogne e di prodotti della caccia nella dieta dei nostri progenitori sia ancora oggetto di discussioni fra gli scienziati, è probabile che gli uomini antichi si siano cibati almeno a volte di carogne, come capita del resto ancora oggi alle popolazioni di cacciatori-raccoglitori. E poiché la carcassa di un mammut conteneva una grande quantità di carne, è probabile che i cadaveri di questi animali siano stati fra quelli sfruttati di preferenza dai primi eurasiatici.

L'interno dell'Eurasia fu una scuola di vita piuttosto brutale per i nostri progenitori. Capacità avanzate di soluzione di problemi dovettero essere presumibilmente critiche per la loro sopravvivenza: ciò ci aiuta a capire perché l'uomo fu pronto a colonizzare la maggior parte del mondo solo dopo il grande balzo in avanti nella capacità intellettuale. Durante il loro soggiorno nelle steppe, gli esseri umani moderni svilupparono un armamentario di armi e utensili altamente specializzato. Particolarmente importante fu l'introduzione di aghi d'osso: grazie a questa invenzione, essi poterono infatti confezionare indumenti di pelli di animali in grado di conservare il loro calore corporeo in un ambiente le cui temperature non erano molto diverse da quelle della Luna, la-

sciando loro, però, la mobilità necessaria per cacciare con successo animali come le renne e i mammut. L'inseguimento delle loro prede li costrinse ad abbandonare i loro ripari su colline o in caverne: si avventurarono così nelle distese ghiacciate aperte delle steppe e della tundra, cosa che rese imperativo lo sviluppo di ripari smontabili. Le loro migrazioni dovettero portarli molto lontano dai luoghi in cui avevano in precedenza trovato abbondanza di pietre a grana fine da usare nella produzione di armi, cosicché ora dovettero praticare una maggiore economia nella produzione di utensili. Ciò li condusse a sviluppare microliti, piccole punte litiche (come punte di freccia), che venivano fissate ad asticelle di legno e usate come armi.

L'intelligenza nella soluzione di problemi che permise ai gruppi del Paleolitico Superiore di vivere nel difficile ambiente delle steppe eurasiatiche e di cacciare animali di taglia enorme illustra quella che potremmo chiamare la « volontà di uccidere » (*will to kill*). La sopravvivenza dipendeva dalla capacità di procurarsi cibo, quali che fossero gli ostacoli, e le steppe erano in verità delle ghiacciaie piene di carne. Fu la necessità di procurarsi cibo a indurre quegli uomini a entrare nel freezer, ma questa necessità li avrebbe condotti ben oltre l'Asia centrale. La superstrada delle steppe dischiuse loro una via di comunicazione diretta con le regioni più lontane del continente, e una volta che essi si furono adattati alle dure condizioni climatiche si aprì loro un nuovo mondo.

Bastoncini di bambù

La composizione genetica di quei primi siberiani fu un miscuglio di linee evolutive sia del clan centroasiatico sia del clan ancestrale eurasiatico. Benché il marcatore M45 sia quello che usiamo per inferire le migrazioni degli antichi cacciatori delle steppe dell'Asia centrale, c'erano ancora molti uomini che avevano cromosomi Y eurasiatici M9 non

marcati con l'M45: questo perché i nuovi marcatori non aumentano immediatamente la loro frequenza fino al punto di cancellare tutti gli altri marcatori, come la linea ancestrale M9. Ogni marcatore del cromosoma Y da noi studiato ha origine in un uomo singolo a un certo punto del passato, cosicché la sua frequenza originaria era a quel punto di uno (quell'individuo) diviso per il numero totale degli uomini della popolazione: una frequenza molto bassa in qualsiasi gruppo tranne in quelli più piccoli. Nel corso del tempo, ogni marcatore diventa più comune in conseguenza dell'effetto della deriva genetica, il meccanismo casuale a cui si devono i cambiamenti casuali nella frequenza che caratterizza tutte le popolazioni umane. Così la più antica fra le popolazioni che colonizzarono la Siberia meridionale doveva avere membri sia del clan centroasiatico M45 sia anche del più vecchio clan eurasiatico M9, anche se pare che a questo punto la deriva genetica avesse fatto perdere loro la maggior parte dei marcatori ancestrali medio-orientali.

Come gli eurasiatici entrati in India dall'altra parte dell'Hindu Kush, una parte di questi membri del clan eurasiatico dovette prendere le mosse dall'Asia centrale, dirigendosi verso nord e verso est, guidata nel suo viaggio dalle montagne del Tienshan. Alcuni di loro, forse passando per lo stesso valico del Junggar usato migliaia di anni dopo da Genghiz Khan per invadere l'Asia centrale, penetrarono nell'attuale Cina. È probabile che la maggioranza di loro appartenesse alla popolazione che era migrata lungo la superstrada delle steppe più a nord, evitando i difficili deserti della Cina occidentale attraverso una deviazione per la Siberia meridionale. Comunque ce la fecero. Lo sappiamo perché lasciarono discendenti portatori di un altro marcatore del cromosoma Y che è limitato quasi completamente all'Asia orientale, mentre manca quasi del tutto nell'Asia occidentale e in Europa: l'M175.

Oggi il marcatore M175, che ebbe origine su un cromosoma Y eurasiatico M9, si trova con la massima frequenza, intorno al 30 per cento, in popolazioni coreane. Se usiamo

metodi di datazione assoluti, troviamo che questa mutazione risalirebbe a circa 35.000 anni fa, coincidendo molto da vicino con l'apparizione del Paleolitico Superiore in Corea e in Giappone. Ci sono molti marcatori derivati più recenti che hanno l'M175 come progenitore (specialmente l'M122, che svolgerà un ruolo importante nel capitolo 8), e queste linee evolutive spiegano insieme il 60-90 per cento dei cromosomi Y presenti oggi nell'Asia orientale. Come in una collezione di ricette del nostro brodo che hanno tutte un ingrediente in comune, l'M175 unisce la maggior parte degli uomini asiatici che vivono a est dell'Hindu Kush e dell'Himalaya, definendo un clan dell'Asia orientale.

Quando questi esseri umani moderni raggiunsero l'Asia orientale, si trovarono in un'area che era stata abitata per quasi un milione di anni dai loro lontani parenti della specie *Homo erectus*. Il cosiddetto «anello mancante» di Dubois aveva parenti in Cina, una specie conosciuta – prima di unirsi con la specie giavanese affine, più a sud – come *Sinanthropus pechinensis* o uomo di Pechino. Misteriosamente, però, a partire da circa 100.000 anni fa, nei siti cinesi non si trovano più resti di *Homo erectus* fino all'apparizione dell'*Homo sapiens* pienamente moderno, circa 40.000 anni fa. Che cosa abbia causato questa interruzione nella presenza degli ominidi non è chiaro, anche se il probabile colpevole potrebbe essere – ancora una volta – il costante deterioramento del clima. Per esempio, la caverna di Zhoukoudian (Chukut'ien), dov'erano stati trovati molti resti di *Homo erectus*, si trova nella Cina nordorientale, non lontano da Pechino: una regione che sperimenta ancora oggi inverni estremamente freddi. Durante il freddo intenso della penultima glaciazione, fra 250.000 e 150.000 anni fa, il clima nella Cina settentrionale dovette diventare molto più rigido. In accordo con ciò, a Zhoukoudian non ci sono resti di *Homo erectus* dopo la data di 250.000 anni fa. Pare probabile che il freddo molto intenso li abbia costretti a emigrare, o li abbia addirittura condannati all'estinzione.

Sappiamo che nell'Asia orientale l'*Homo erectus* non modificò il suo fisico sostanzialmente per un milione di anni, forse in conseguenza della stabilità delle pressioni selettive. L'isolamento da altri ominidi e una predilezione per condizioni climatiche relativamente uniformi dovettero favorire la continuità a danno del cambiamento, e non ci sono prove di un suo grande balzo in avanti. Benché alcuni scienziati cinesi siano favorevoli a un modello di evoluzione noto come «continuità regionale», secondo il quale l'*Homo erectus* dell'Asia orientale si sarebbe evoluto dando origine a una variante locale dell'*Homo sapiens* indipendentemente da quel che stava accadendo in Africa, non c'è assolutamente nessun dato genetico a sostegno di questa ipotesi. I risultati genetici mostrano inoltre che non ci fu neppure una fecondazione incrociata fra gli immigranti moderni nell'Asia orientale e l'*Homo erectus*, ammesso che 40.000 anni fa esistessero popolazioni rimaste invisibili agli archeologi attuali. In un'analisi recente compiuta su più di 12.000 uomini dell'intera Asia orientale, il genetista Li Jin e i suoi colleghi hanno trovato che ogni individuo oggi esistente è riconducibile a un progenitore africano entro gli ultimi 50.000 anni, in quanto ognuno di loro ha sul suo cromosoma Y il nostro vecchio amico, il marcatore M168. Ognuno di loro. Questo risultato è una cattiva notizia per coloro che cercano prove di una continuità regionale dell'Asia orientale, non essendo riconciliabile con alcuna forma di evoluzione locale dall'*Homo erectus*, o addirittura con un miscuglio, almeno sulla linea maschile. La stessa risposta dà il DNA mitocondriale dell'Asia orientale: le migliaia di campioni che sono stati analizzati risalgono tutti a una progenitrice in Africa. In breve, non c'è alcuna prova genetica del fatto che l'*Homo erectus* abbia dato un qualsiasi contributo al pool genico delle moderne popolazioni dell'Asia orientale. Pare piuttosto che il pitecantropo di Dubois sia stato un vicolo cieco dell'evoluzione, e che sia stato totalmente soppiantato da esseri umani moderni.

Se la storia finisse qui sarebbe molto ordinata e in sé com-

piuta. Purtroppo, però, la vita non è mai così semplice. In questo caso a mettere il bastone fra le ruote è la presenza con una frequenza elevata, in alcune popolazioni dell'Asia orientale, della nostra linea evolutiva costiera. Questa si trova con una frequenza del 50 per cento in Mongolia, ed è comune nell'intera Asia nordorientale. Come abbia raggiunto questi luoghi rimane un mistero, ma è probabile che le prime popolazioni costiere emigrate nell'Asia sudorientale siano passate gradualmente nell'interno, spingendosi nel corso di migliaia di anni verso nord. I cromosomi M130 presenti nel sud sono più antichi di quelli del nord, in accordo con tale migrazione. A un certo punto, forse 35.000 anni fa, essi dovettero incontrare i discendenti dell'altra linea evolutiva principale di immigrati, i nostri eurasiatici in arrivo. La compresenza della linea evolutiva eurasiatica e di quella costiera nelle popolazioni dell'Asia orientale attesta l'estesa mescolanza fra loro.

Il quadro che emerge da tutto questo è che l'Asia orientale fu colonizzata da esseri umani moderni provenienti sia da nord sia da sud, con una sorta di movimento a tenaglia, o come due bastoncini di bambù per prendere il cibo. La via settentrionale fu caratterizzata dai membri del clan eurasiatico, arrivati probabilmente attorno a 35.000 anni fa dalle steppe della Siberia meridionale. La via meridionale, seguita primariamente da membri del clan costiero, fu probabilmente percorsa parecchio tempo prima, forse già 50.000 anni fa. L'attuale composizione delle popolazioni dell'Asia orientale presenta ancora tracce di quest'antica divisione nord-sud. Luca Cavalli Sforza, lavorando con colleghi cinesi, esaminò varie dozzine di polimorfismi su cromosomi non Y in popolazioni dell'Asia orientale. Nella loro analisi, essi trovarono una netta distinzione fra i cinesi del Nord e i cinesi del Sud. Persino membri di uno stesso gruppo etnico, come gli han del Nord e del Sud, sono più strettamente affini ai loro vicini *geografici* che ai loro vicini *etnici*: il gruppo han settentrionale con altre popolazioni del Nord, non han;

mentre gli han meridionali formano un gruppo a sé. Pare che le antiche prove di una colonizzazione a tenaglia siano ancora osservabili nel sangue dei cinesi attuali.

Il nostro clan del Medio Oriente si era dunque spinto fino all'estremo margine orientale del continente. Lungo la via aveva acquisito altri marcatori, producendo il diffuso clan eurasiatico, il clan indiano e il clan centroasiatico. Le catene di montagne dell'Asia centrale svolsero la funzione di efficaci barriere contro le migrazioni 40.000 anni fa, così come continuano a svolgerla ancora oggi. L'effetto di tutto questo fu quello di produrre un clan isolato del cromosoma Y dell'Asia orientale che solo occasionalmente compare in Occidente. Ma mentre la via che condusse all'Asia orientale era chiara, quella verso l'Europa richiese un percorso meno diretto. Gli europei moderni, come abbiamo visto, contengono nel loro brodo troppi ingredienti per poter essere stati i discendenti diretti del clan del Medio Oriente. Nel capitolo seguente andremo alla ricerca degli antenati dei primi europei.

7
SANGUE DA UNA PIETRA

> Il corvo mandò degli uccelli a forare i muri dell'alba; uno di loro vi fece un buco, attraverso il quale brillarono per la prima volta i raggi del sole. Poi disseminò ossa di foca sulla terra alla luce del mattino, e le ossa assunsero forma umana: furono il primo uomo e la prima donna.
>
> Mito della creazione dei ciukci

Quando ero un ricercatore postdottorato alla Stanford University, vivevo con la mia futura moglie a San Francisco e facevo insieme a lei il pendolare fra San Francisco e Palo Alto. Decidemmo così perché preferivamo abitare nella grande città, con la sua vivacità e la sua ricca mescolanza di gente. Il nostro appartamento si trovava nel distretto di Richmond, il cuore della comunità degli immigranti russi, spalla a spalla con la nuova «Chinatown» in Clement Street. Di sera, tornando a casa in macchina, per passare il tempo ascoltavo la National Public Radio, che è più o meno l'equivalente americano della BBC Radio Four. Una sera, nell'autunno del 1997, mentre stavo passando in macchina nella 25ª Avenue, udii una notizia che mi fece rischiare un incidente con un autobus. Mi fermai e ascoltai la notizia, cercando di non perdermi una parola.

L'annunciatore riferiva che un gruppo di scienziati, diretti dal professor Svante Pääbo dell'Università di Monaco di Baviera, aveva appena pubblicato la prima sequenza del DNA di un uomo di Neandertal. Questo era, in un certo senso, uno dei santi Graal dell'antropologia: il risultato di una ricerca

che prometteva di rispondere a una delle domande più antiche e controverse del settore: gli europei moderni si erano evoluti da progenitori neandertaliani, o questi erano stati sostituiti da gruppi umani provenienti da qualche altra parte?

L'*Homo neanderthalensis* era stato il primo fra gli ominidi antichi scoperti; i suoi resti vennero alla luce in una caverna nella valle del Neander, nei pressi di Düsseldorf, nel 1856. Nonostante la riluttanza iniziale ad accettare la realtà dell'evoluzione umana, in capo a qualche decennio i più cominciarono a credere che i neandertaliani fossero i progenitori degli europei moderni. Gli studi genetici del decennio 1980-1990 hanno però messo in discussione questa teoria. Se il DNA mitocondriale ci ha detto che tutti gli uomini moderni sono venuti dall'Africa in tempi relativamente recenti, come potevano gli europei essersi evoluti da un ominide come l'uomo di Neandertal, presente in Europa già a partire da circa 250.000 anni fa? Il problema fu molto dibattuto, e taluni antropologi, come Milford Wolpoff, dell'Università del Michigan, sostennero che la prova del DNA era sbagliata, e che gli europei erano in realtà sotto pelle dei neandertaliani.

Quando si cerca di illuminare dettagli del passato a partire da dati raccolti nel presente, l'unico problema, come abbiamo visto nel capitolo 2, consiste nel dover fare ricorso a teorie sul modo in cui le sequenze del DNA cambiano nel corso del tempo. Queste teorie, pur essendo sostenute da generazioni di studi di genetica e di ricerche sull'evoluzione, sono pur sempre ancora teorie. Purtroppo è impossibile tornare indietro nel tempo e controllare i dati, per vedere se le nostre inferenze teoriche siano valide o no. È possibile studiare il DNA di ominidi scomparsi da molto tempo?

Fra i pionieri delle ricerche sul DNA antico, negli anni '80 del Novecento, si devono ricordare particolarmente Svante Pääbo e colleghi (compreso Allan Wilson, reso famoso dall'Eva mitocondriale) a Berkeley e a Monaco di Baviera. Tali ricerche erano ispirate dal sogno di realizzare l'impossibile:

risalire indietro nel tempo esaminando il DNA di individui morti da molto tempo. Era, in effetti, un tentativo di sviluppare una macchina del tempo genetica che ci permettesse di rispondere direttamente a domande sui nostri progenitori. Una delle prime applicazioni di questo metodo fu nell'analisi del DNA di mummie egizie, ma ben presto lo si provò anche su fossili di milioni di anni di età. Il romanzo di Michael Crichton *Jurassic Park* si fondò sul grande entusiasmo di quei primi tempi in cui sembrava che tutto fosse possibile: anche recuperare il DNA intatto di dinosauri da insetti succhiatori di sangue imprigionati nell'ambra!

Mentre le affermazioni di avere estratto campioni di DNA da resti organici vecchi di decine di milioni di anni si rivelarono infine infondate, in quanto il DNA ricuperato risultò essere di solito la conseguenza di una minuta contaminazione da parte di DNA moderno, a volte fu possibile ricavare DNA da campioni più recenti, o da altri che si erano conservati in condizioni ideali per decine di migliaia di anni. I corpi congelati di mammut e di antichi viaggiatori sulle Alpi fornirono DNA analizzabile, così come i resti essiccati di mummie e di abitanti dei deserti. Anche in questi casi l'analisi fu quasi sempre limitata a DNA mitocondriale, presente in ogni cellula in un numero grandissimo di copie, cosa che accrebbe la probabilità che una copia fosse sopravvissuta alla roulette russa della degradazione molecolare nel corso dei secoli. Era però estremamente difficile compiere questo tipo di analisi, poiché nella maggior parte dei casi le molecole si erano completamente disintegrate dopo la morte. I risultati negativi furono perciò molto più numerosi di quelli positivi, ma le storie rivelate dalla piccola frazione di casi in cui si poté estrarre con successo il DNA giustificarono la fatica. Ispirato da queste considerazioni, il gruppo di Pääbo sviluppò metodi attendibili per valutare ed estrarre il DNA da antichi resti organici, e all'inizio dell'ultimo decennio del XX secolo il suo laboratorio fu all'avanguardia: lui e il suo gruppo erano gli esperti incontestati nel campo.

La grande impresa scientifica, il cui annuncio mi fece rischiare un grande incidente di macchina a San Francisco, ebbe inizio con l'esame delle primissime ossa di neandertaliani riportate in luce nell'Ottocento. Tali ossa, che comprendevano anche il cosiddetto esemplare-tipo – quello usato come esemplare di riferimento dai paleoantropologi nel giudicare tutti gli altri –, si trovavano da circa 140 anni in un museo a Bonn, quando fu chiesto al gruppo di Monaco di analizzarle. Pääbo colse al volo l'occasione, e il suo allievo Matthias Krings ne eseguì l'analisi del DNA durante le sue ricerche in preparazione della tesi di dottorato. Nel corso di un anno di un noioso lavoro per tentativi, Krings riuscì un po' per volta a estrarre dai campioni abbastanza DNA mitocondriale intatto per creare una sequenza di 105 coppie di basi. Quel che vide quando mise insieme i vari pezzi fu una cosa davvero straordinaria. Krings così riferisce sulla sua prima occhiata a quel DNA vecchio di 40.000 anni:

> Conoscevo la sequenza quasi a memoria [...] ed ero certamente in grado di individuare una sostituzione [un cambiamento nella sequenza del DNA] quando ne vedevo una. Dopo avere scorso la prima sequenza, sentii un brivido corrermi giù per la schiena. In una regione che di solito aveva, al massimo, tre o quattro sostituzioni, ce n'erano otto. Pensai: « È una sequenza davvero strana ».

Dopo avere minuziosamente riprodotto quel risultato a partire da un altro frammento d'osso, e avere ripetuto l'esperimento in un laboratorio su un altro continente (per essere certo che il risultato ottenuto non fosse contaminato da una qualche sostanza presente nel laboratorio di Monaco), Krings accettò la validità della sequenza. Ripetendo il procedimento varie volte, riuscì infine a ottenere dai resti 327 paia di basi della sequenza del DNA mitocondriale: quanto bastava per generare una stima statisticamente significante della sua divergenza evoluzionistica. La sequenza non apparteneva chiaramente al DNA mitocondriale dell'uomo moderno, ma

neppure a quello di una scimmia antropomorfa. Esso era quello di un ominide che aveva condiviso un progenitore comune con l'uomo moderno intorno a 500.000 anni fa. Questa data era in accordo con quella predetta dai paleoantropologi che avevano studiato la dispersione dei cosiddetti « uomini arcaici » dall'Africa in Europa, e dimostrò che l'uomo di Neandertal non era il progenitore diretto dell'uomo moderno. I neandertaliani erano invece una popolazione locale di ominidi arcaici che furono in seguito sostituiti dall'*Homo sapiens* moderno, senza alcuna mescolanza percepibile. Delle migliaia di sequenze mitocondriali umane che sono state ottenute da persone di tutto il mondo nessuna è in nessun punto così divergente come la sequenza neandertaliana di Krings. Il DNA mitocondriale neandertaliano è molto fuori dell'ambito di variazione trovato nella specie umana, cosicché i neandertaliani devono essere considerati una specie *a sé*. Questo primo risultato è stato confermato da altri due studi genetici di resti di neandertaliani di varie parti d'Europa, i quali hanno mostrato che i neandertaliani erano imparentati molto strettamente fra loro, ma molto alla lontana con noi. I dati genetici sono incontrovertibili: gli europei moderni derivano da progenitori recenti in Africa, che sono comuni anche a tutti gli altri esseri umani attualmente viventi sulla Terra.

Insieme allo studio dei 12.000 cromosomi Y asiatici discusso nel capitolo 6, quello del DNA mitocondriale neandertaliano piantò l'ultimo chiodo sulla bara del multiregionalismo. I nostri parenti ominidi furono chiaramente sostituiti da esseri umani moderni diffusisi dall'Africa negli ultimi 50.000 anni. Benché ci siano ancor oggi antropologi che sostengono un modello multiregionale dell'evoluzione umana, i più hanno accettato la conclusione che non esistano dati convincenti a sostegno di tale tesi. Lo spirito di Carleton Coon è stato finalmente convinto a concedersi l'eterno riposo dalla moderna biologia molecolare. Ma, potrebbe chiedersi qualcuno, se i neandertaliani furono soppiantati, chi li soppiantò?

Un temperamento artistico

Nell'autunno del 1922 due adolescenti entrarono in una caverna nei pressi di Cabrerets, in Francia (due ore di macchina circa a nord-est di Tolosa). Ignorando il consiglio contrario del loro parroco, con il quale erano entrati per la prima volta nella caverna nel 1920, si proponevano di esplorarla più a fondo. Quel che vi trovarono fu davvero straordinario. I dipinti di Pech Merle, come fu chiamata la caverna, furono in seguito definiti la « Cappella Sistina delle Causses du Quercy » (sui Pirenei francesi) dall'abate Henri Breuil, l'esperto francese dell'antica arte delle caverne. Le sue ricerche ampie e dettagliate su decine di caverne francesi avrebbero rivelato una ricca tradizione artistica risalente a più di trenta millenni fa, la quale ci ha fornito informazioni uniche sulla mente degli europei del Paleolitico.

Le immagini dipinte e disegnate sulle pareti a Pech Merle e in altri siti del Paleolitico Superiore in Europa mostrano chiari segni di un pensiero concettuale, astratto: sono le creazioni del genere più antiche nel mondo. La straordinaria produzione artistica rinvenuta nella caverna di Chauvet è stata datata a circa 32.000 anni fa, ed è la più antica in Francia. Disegni scoperti recentemente nella caverna di Fumane, nei pressi di Verona, potrebbero risalire fino a 35.000 anni fa, epoca che ne farebbe l'esempio di arte parietale più antico del mondo. In tutte queste località, la complessità dei soggetti e l'abilità con cui sono resi segnano una brusca transizione rispetto al passato. Queste opere sono in effetti capsule del tempo dettagliate lasciateci dai primi europei: istantanee artisticamente realizzate della loro vita, nascoste all'interno di caverne rimaste sigillate fino a quando non furono scoperte nei secoli XIX e XX.

Gli abitanti di tali caverne europee erano chiaramente artisti di talento, e la loro cultura si stacca decisamente da quella dei neandertaliani che li precedettero. Essa segna l'inizio del Paleolitico Superiore in Europa e annuncia l'arrivo

sulla scena di uomini compiutamente moderni. Insieme ai vari utensili da loro prodotti, la loro arte ci offre una fuggevole immagine della loro mente. Ma questi primi artisti europei – i creatori di Pech Merle, Chauvet e Fumane – furono i progenitori degli europei occidentali? E se sì, perché apparvero sulla scena in modo così improvviso, circa 35.000 anni fa? I dati genetici ci forniscono gli indizi di cui abbiamo bisogno per risolvere questo rompicapo.

Abbiamo visto in precedenza che la regione più ovvia attraverso la quale entrare in Europa, il Medio Oriente, sembra aver contribuito ben poco al pool genico degli europei moderni. La linea genealogica del cromosoma Y definita esclusivamente dal marcatore M89, che deve avere caratterizzato le più antiche popolazioni medio-orientali intorno a 45.000 anni fa, non è molto comune nell'Europa occidentale. Il passaggio dal Medio Oriente all'Europa attraverso il Bosforo è un salto così minuscolo che potremmo domandarci perché sia occorso all'uomo moderno un tempo così lungo – forse 10.000 anni – per compiere un'incursione significativa nell'Europa occidentale. Per risolvere l'enigma del luogo di provenienza della maggior parte degli europei del Paleolitico Superiore, dobbiamo esaminare i marcatori genetici presenti nell'Europa occidentale, e domandarci da quale linea evolutiva eurasiatica essi possano essere venuti, e quando.

All'inizio del capitolo 5 ho detto che il mio cromosoma Y è definito da un marcatore noto come M173. Questo marcatore non è esclusivamente mio: esso si trova in effetti con una frequenza elevata nell'intera Europa occidentale. Cosa di grande interesse, le frequenze maggiori si riscontrano nell'estremo Occidente europeo, in Spagna e in Irlanda, dove l'M173 è presente in più del 90 per cento dei maschi. Esso è, quindi, il marcatore dominante nell'Europa occidentale, visto che la maggior parte degli uomini appartiene alla linea evolutiva da esso definita. La grande frequenza ci dice due cose. Innanzitutto, che la grande maggioranza degli europei occidentali condivide un singolo progenitore maschile in un

qualche momento del passato. E, in secondo luogo, che è accaduto qualcosa che ha causato la perdita delle altre linee evolutive.

Alla disperata ricerca di una data

La prima cosa che la maggior parte di noi vorrebbe sapere quando sente dire che quasi tutti gli europei occidentali risalgono a un singolo uomo è: « quando è vissuto? » È qui che entrano in gioco i nostri metodi di datazione assoluta. Se esaminiamo la variazione genetica – i polimorfismi – sul cromosoma Y marcato con M173, possiamo stimare quanto tempo dev'essere passato dalla sua creazione. Ma se tutti i cromosomi Y presentano la mutazione M173, come possiamo studiare la variazione? Non sono tutti identici?

Per fortuna per noi la risposta è: no. Anche se sono tutti strettamente imparentati, e quindi condividono il marcatore M173, ci sono altri marcatori che aiutano a distinguerli. Diversamente dai marcatori stabili che abbiamo studiato per definire l'ordine – o le date relative – delle varie linee evolutive del cromosoma Y, questi altri marcatori non implicano cambiamenti semplici di una singola lettera nel codice genetico. Essi esistono, piuttosto, in conseguenza di un « balbettamento » biochimico. Quando noi replichiamo il nostro DNA, il doppio filamento della molecola si apre e minuscole macchine note come polimerasi compiono il lavoro di assemblare la copia complementare. Ricordiamoci che, se conosciamo la sequenza di un filamento della molecola a doppia elica del DNA, conosciamo anche quella dell'altro, in conseguenza delle regole inviolabili della biologia molecolare. La base azotata A si accoppia sempre con la T, e la C si accoppia sempre con la G. Tutto questo vale per più del 99 per cento del genoma, dove le lettere si presentano in un ordine unico ed è facile dire quale dovrebbe essere l'accoppiamento. Purtroppo una piccola frazione del nostro genoma

non è così semplice. Essa è formata dalle cosiddette ripetizioni in tandem: brevi sezioni della stessa sequenza ripetute varie volte di seguito nel filamento del DNA. Esse assumono spesso la forma di una coppia di lettere, come CACACACACA..., ma nel motivo che si ripete possono esserci anche tre, quattro o più lettere. Come potremmo attenderci, la polimerasi quando si imbatte in queste parti del genoma può rimanere confusa. Dopotutto, nel caso di una dozzina di ripetizioni o più, come possiamo dire a che punto ci troviamo nella sequenza: alla decima o all'undicesima ripetizione? Così, in un numero ragionevole di casi (circa uno su mille), la polimerasi, assemblando il filamento complementare, commette un errore, e aggiunge o sottrae una ripetizione. Se il filamento originario ha dodici ripetizioni, la copia può averne undici o tredici, semplicemente per caso, in conseguenza di un errore al livello molecolare. È questo il processo che Luca Cavalli Sforza ha chiamato « balbuzie » genetica.

Una volta su mille può sembrare un evento piuttosto raro, ma non lo è quando parliamo del lavoro di copiatura del DNA. Se questo fosse il ritmo con cui le polimerasi compiono errori di copiatura di una singola lettera, introdurremmo una media di più di un milione di errori, o di mutazioni, nel nostro DNA ogni volta che esso viene copiato. Poiché la copiatura genetica ha luogo in occasione della riproduzione, avremmo ogni volta come conseguenza la nascita di un figlio con un milione di nuove mutazioni. La biologia non si attende niente di buono da un numero di mutazioni così elevato, e ogni nuovo figlio morirebbe con ogni probabilità di un'orribile malattia ereditaria, sempre che prima riuscisse a nascere. Il ritmo usuale con cui si verificano nuove mutazioni sembra essere quindi molto più lento, forse di venti o trenta a ogni generazione. Questo ritmo è di circa 100.000 volte minore di quello delle mutazioni che osserviamo nel caso delle ripetizioni: ciò significa che le nuove mutazioni nelle sequenze « regolari » sono molto meno comuni di quelle nelle ripetizioni. Le ripetizioni viaggiano su una

sorta di superstrada dell'evoluzione, e accumulano diversità a un ritmo straordinario.

Benché questo fatto abbia ben poco effetto sulla salute del nuovo nato, dal momento che le ripetizioni si verificano di solito in regioni del genoma che non hanno alcuna incidenza sulla salute, ci fornisce però uno strumento per lo studio della diversità. Queste ripetizioni, note come microsatelliti, sono particolarmente utili quando vogliamo porci domande sulla variazione in linee evolutive in cui non abbiamo molte variazioni di una singola lettera, come i cromosomi M173. Esse ci permettono di determinare date assolute che possiamo usare per verificare le nostre ipotesi sui tempi delle migrazioni umane. Il ritmo con cui le mutazioni si verificano è grosso modo costante, cosicché il livello di variazione ci fornisce un'indicazione di tempo in termini assoluti. Questa ci dice quant'è vecchio il cromosoma, poiché tutti i cromosomi discendono da un singolo cromosoma marcato da una certa mutazione in un determinato momento nel passato. Per definizione, il livello di variazione a quel punto era zero, dal momento che allora esisteva una sola copia.

Esaminati vari microsatelliti dei cromosomi M173, il livello di variazione è risultato essere in accordo con un'età di circa 30.000 anni. Ovviamente, come in qualsiasi stima di tempo, anche questa ha un margine di errore consistente, ma la data più probabile per l'origine dell'M173 è intorno a 30.000 anni fa. Ciò significa che l'uomo da cui è discesa la maggior parte degli abitanti dell'Europa occidentale visse intorno a 30.000 anni fa, in accordo con una diaspora africana recente, cosa che dimostra ancora una volta che i neandertaliani non possono essere stati i progenitori diretti degli europei moderni.

Significativamente, è attorno a quest'epoca che si afferma saldamente in Europa il Paleolitico Superiore, e che scompaiono i neandertaliani. Mentre l'interludio del Chatelperroniano, circa 38.000 anni fa, rappresentò un breve esperimento con la modernità, solo a partire da 35.000 anni fa ve-

diamo la marcia inesorabile degli esseri umani moderni e del loro armamentario di armi e utensili nell'intera Europa, come segnala l'apparizione della cosiddetta industria litica dell'Aurignaciano. Attorno a 30.000 anni fa i neandertaliani erano stati quasi sradicati, o forse confinati in sacche isolate come quelle a Zafarraya in Spagna. Venticinquemila anni fa erano scomparsi completamente. La coincidenza delle date genetiche e archeologiche, come pure l'aumento delle dimensioni delle popolazioni suggerito dal gran numero di siti del Paleolitico Superiore, a partire da circa 30.000 anni fa, ci inducono a pensare che i neandertaliani furono effettivamente scalzati dagli esseri umani moderni. Ma la scomparsa dei nostri lontani cugini è dovuta a uno sterminio deliberato da parte nostra nel corso della nostra diffusione in Europa?

Nonne e nipotini

Moltissime teorie hanno tentato di spiegare la definitiva scomparsa dei neandertaliani. Forse quella più ovvia, in considerazione della coincidenza con le date archeologiche e genetiche dell'arrivo degli europei moderni, è che essi siano stati uccisi dai nuovi venuti in una qualche sorta di genocidio. In realtà ci sono ben poche prove a sostegno di questa tesi. Nessun sito di battaglie preistoriche è stato scoperto in Francia o in Spagna, e ci sono ben pochi indizi di morte violenta negli scheletri di neandertaliani che sono stati portati in luce. Ovviamente gli archeologi potrebbero essersi lasciati sfuggire finora ogni traccia della Waterloo dei neandertaliani, ma non c'è comunque alcun indizio di una guerra fra specie. Fu invece probabilmente la selezione naturale a condannarli all'estinzione.

Una delle cose che l'uomo del Paleolitico Superiore immigrato in Europa poteva far giocare a proprio vantaggio era una struttura sociale complessa. Come abbiamo visto, questa ebbe inizio probabilmente come un adattamento a

una forma di caccia in cooperazione nelle savane dell'Africa orientale. Con le loro armi perfezionate e con le loro bande di cacciatori sociali intelligenti, gli uomini moderni potevano vantare un'efficienza molto maggiore. Lo si può vedere anche nei resti di neandertaliani che sono stati trovati, congiuntamente a numerose prove di uno stile di vita duro e fisicamente difficile. La maggior parte dei neandertaliani aveva subito fratture ossee ed estese ferite che dovevano avere ridotto considerevolmente la loro efficienza come membri del gruppo. Pare che i neandertaliani ricorressero alla forza bruta per ottenere quei risultati che gli essere umani moderni conseguivano con gli utensili e l'intelligenza. È questo stile di vita impegnativo e logorante a spiegare la loro limitata longevità. Ben pochi neandertaliani arrivavano a cinquant'anni di vita, e i più morivano prima dei quaranta.

I neandertaliani avevano sempre avuto una struttura sociale molto dispersa, con un piccolo numero di gruppi distinti, ognuno caratterizzato da varianti locali nella costruzione di utensili. Alcuni antropologi hanno suggerito addirittura che diversi gruppi di neandertaliani potessero parlare lingue diverse, che avrebbero contribuito alla frammentazione della loro popolazione. Sia vero o no, la natura dispersa, a nuclei distinti, della popolazione neandertaliana rappresentò probabilmente un adattamento alle condizioni relativamente dure dell'Europa settentrionale durante l'ultima epoca glaciale. Essa permise loro di sfruttare le risorse di territori estesi, accrescendo le probabilità di localizzare cibo. Questa loro dispersione finì poi probabilmente per condurre alla loro scomparsa.

L'antropologo Ezra Zubrow ha calcolato che una riduzione della fecondità, o un aumento della mortalità, dell'1 per cento avrebbe condotto all'estinzione dei neandertaliani nel periodo di mille anni. Questo livello di mutamento è del tutto in accordo con un modello in cui i neandertaliani furono gradualmente esclusi dalle risorse di cibo a opera della nuova popolazione, altamente efficiente, degli uomini mo-

derni del Paleolitico Superiore. Trovandosi compressi in territori sempre più piccoli, i neandertaliani avrebbero trovato sempre maggiori difficoltà a procurarsi le risorse necessarie per la loro sopravvivenza. Infine, ridotti nella loro consistenza numerica per logoramento, potrebbero avere avuto difficoltà persino a trovare partner con cui accoppiarsi. Tutte queste considerazioni sono ovviamente congetturali, ma sono in accordo sia con le date dell'arrivo in Europa dei primi uomini moderni del Paleolitico Superiore sia con i dati del DNA mitocondriale, che suggeriscono un inizio dell'espansione delle loro popolazioni intorno a 30.000 anni fa circa, e la sparizione dei neandertaliani nello stesso tempo.

Un carattere del comportamento degli uomini moderni che potrebbe avere contribuito a dare loro un vantaggio sui neandertaliani fu un prodotto secondario dei loro complessi adattamenti comportamentali. Quelle che probabilmente ebbero inizio come abilità di caccia proprie del Paleolitico Superiore si svilupparono nella costruzione di estese reti sociali. Queste, associate a uno stile di vita meno fisico, dovettero avvantaggiarli sui neandertaliani nella durata di vita. Molti esseri umani del Paleolitico Superiore sopravvivevano fin oltre i cinquant'anni, ben oltre la fine della loro vita riproduttiva. Anche questo fatto può aiutare a spiegare la superiorità dell'uomo moderno sui neandertaliani: la presenza di persone anziane può comportare dei vantaggi.

Il ricorso all'insegnamento e all'apprendimento, anziché all'istinto, è una delle cose che distinguono l'uomo da altri animali. Noi spendiamo la maggior parte della nostra giovinezza a imparare, e solo intorno ai venticinque anni la maggior parte di noi pensa di avere conseguito una padronanza del sapere sufficiente per sintetizzare quanto si sa e per insegnarlo ad altri. Invecchiando accumuliamo sempre più conoscenza, cosa che ci permette di aiutare meglio i giovani a trarre beneficio dal nostro sapere. I nonni, come i professori universitari, si sono formati un patrimonio di esperienze e, cosa cruciale, sono sopravvissuti abbastanza per condivi-

derle con i giovani. La presenza dei nonni permise anche una maggiore fecondità, in quanto essi poterono prendersi cura dei nipotini, permettendo ai genitori di dedicarsi alle loro attività. Fra queste c'è anche quella di continuare a far figli. L'antropologa Kristen Hawkes ha suggerito che l'allevamento dei bambini piccoli da parte delle nonne potrebbe avere svolto un ruolo sostanziale nell'espansione delle popolazioni dell'uomo moderno. Fu forse proprio questo piccolo svantaggio a condannare i neandertaliani all'estinzione.

Pietre da guado

Quale che sia stata la causa della loro scomparsa, i neandertaliani esalarono l'ultimo respiro entro poche migliaia di anni dall'arrivo in Europa degli esseri umani moderni. I resti umani di età inferiore a 30.000 anni trovati in Europa sono tutti di esseri umani pienamente moderni, spesso chiamati Cro-Magnon dal nome del riparo roccioso, nella Francia sudoccidentale, dove alcune delle prime ossa furono riportate in luce nel 1868. Questi primi europei moderni erano molto più gracili, e significativamente più alti, dei loro vicini neandertaliani. Mentre la statura dei neandertaliani si aggirava sui 165 cm, i Cro-Magnon superavano spesso i 180, e avevano arti lunghi. Alcuni paleoantropologi, fra cui Erik Trinkaus, hanno visto in queste diverse proporzioni un indizio di un'origine da una regione dal clima molto più mite. I neandertaliani avevano proporzioni molto tozze e muscolose in conseguenza del lungo tempo trascorso nelle regioni più fredde d'Europa. I Cro-Magnon sarebbero dunque giunti in Europa da regioni dal clima più caldo.

Come abbiamo visto, difficilmente si trovano in Europa linee evolutive appartenenti al clan medio-orientale, cosa che potremmo attenderci se ci fosse stato un passaggio diretto dall'Africa all'Europa attraverso il Medio Oriente. La mutazione M173, il nostro marcatore apparso 30.000 anni fa,

ha il vantaggio di essere presente con una frequenza molto elevata nelle popolazioni europee più isolate (compresi i celti e i baschi), e la sua età corrisponde grosso modo alla data del più antico insediamento da parte dell'uomo moderno basata sull'archeologia. Altre importanti linee evolutive del cromosoma Y presenti in Europa sono meno antiche dell'M173, e quindi sono venute dopo, o discese dallo stesso M173. Questo è quindi il probabile marcatore dei primi europei moderni, e definisce il clan europeo. Ovviamente, esso non è altro che il marcatore finale in una lunga linea di discendenza genealogica che risale fino all'M168 e al nostro Adamo africano. È però il penultimo marcatore quello che ci permette di risolvere il mistero della provenienza degli europei più antichi. Questo marcatore, una pietra da guado sul percorso verso l'M173, è la mutazione M45, che fa degli europei un sottoinsieme del clan dell'Asia centrale.

Come abbiamo visto in precedenza, i territori a steppa di 30.000-40.000 anni fa si estendevano su una vasta fascia della massa continentale eurasiatica. Fino ai cacciatori del Paleolitico Superiore, questo ecosistema dev'essere stato un paese dell'abbondanza, e le migrazioni lungo di esso devono avere permesso agli esseri umani moderni di disperdersi verso occidente, fino all'interno dell'Europa, come pure a est in Corea e in Cina. Durante questo periodo la zona delle steppe si estendeva fino all'interno dell'attuale Germania, e forse addirittura in Francia. Da ossa trovate in caverne francesi di 30.000 anni fa sappiamo che a quel tempo in Francia era comune la renna, una specie adattata alla steppa fredda e alla tundra dell'Eurasia moderna. Il clima aveva aperto un accesso all'Europa che permise l'ingresso di questi cacciatori delle steppe dell'Asia centrale. Come abbiamo visto, essi si imposero ben presto, pervenendo a dominare la regione in capo a qualche migliaio di anni.

È probabile che il soggiorno di questi uomini moderni nella steppa avesse affinato le loro abilità nella caccia, conducendo a innovazioni tecniche che diedero loro un vantaggio

sui neandertaliani maggiore di quello che sarebbe stato possibile se fossero usciti direttamente dall'Africa. Nelle migliaia di anni trascorsi nelle steppe asiatiche essi devono avere avuto un periodo di intenso adattamento culturale a questo difficile ambiente. Tale periodo di apprendistato svolse una funzione paragonabile a quella delle centinaia di migliaia di anni di adattamento biologico che aveva dato ai neandertaliani la loro struttura tozza e robusta. Essendo usciti da poco tempo dall'Africa tropicale, gli esseri umani del Paleolitico Superiore dovevano essere male attrezzati per la vita nell'emisfero boreale. Le steppe dell'Asia centrale fornirono loro l'opportunità di uno sviluppo socioculturale che li preparò a vivere negli ambienti più inospitali del nostro pianeta. Le caverne dell'Europa occidentale devono essere parse loro un'ottima risorsa dopo avere sperimentato i venti urlanti delle steppe ghiacciate del Kazakhstan.

Proprio questo processo di adattamento del sottoinsieme M45 può spiegare perché non furono i primi immigrati in Medio Oriente a invadere e dominare l'Europa. Benché le montagne e le foreste dei Balcani debbano avere frapposto qualche ostacolo a una specie adattata alle steppe, qualcuno fra i primi membri del clan medio-orientale riuscì chiaramente a passare. Possiamo congetturare che la bassa frequenza delle loro linee evolutive nel cromosoma Y riveli una popolazione non del tutto pronta per i rigori della vita nell'Europa occidentale, ma è ovviamente impossibile asserirlo con certezza. Quel che è chiaro è che la maggior parte degli europei, me compreso, deriva da progenitori che intorno a 35.000 anni fa vivevano nelle steppe dell'Asia centrale. Cosa interessante, questo fatto ci ricollega a una piccola popolazione di cacciatori siberiani che – proprio quando l'ultima epoca glaciale era al suo culmine – entrava nella gelida tundra dell'Asia nordorientale.

L'ultima frontiera

Zaliv Kresta, la baia della Croce, si trova sulla costa orientale della Russia, a 10.000 chilometri da Mosca. Per sei mesi all'anno il mare è ghiacciato, isolando il piccolo insediamento ex sovietico di Egvekinot dal resto del mondo. L'unico modo per arrivarvi è un volo di due ore di elicottero da Anadyr, la più vicina fra le città con collegamenti aerei regolari col resto del mondo. Da Egvekinot occorre un ulteriore viaggio di otto ore su mezzi cingolati per il trasporto truppe per raggiungere, all'interno del Circolo Polare Artico, i pastori di renne che vi vivono. Si ha l'impressione di trovarsi nel luogo più remoto della Terra.

La popolazione che vive in questo ambiente rigidissimo, i ciukci, è un prodigio di adattamento. Essi hanno sviluppato uno stile di vita che permette loro di sopravvivere in un ambiente di una difficoltà inimmaginabile. Quando mi recai a visitare quest'area, nel novembre 2001, le temperature stavano già scendendo di notte a –50 °C, e nel pieno dell'inverno possono addirittura toccare i –70 °C. Il paesaggio è una tundra di un altro mondo, coperta di neve e ghiaccio da settembre a giugno, e senza vegetazione commestibile. Le uniche risorse dei ciukci sono, oltre alle loro renne, i pesci che riescono a pescare attraverso buchi praticati nel ghiaccio che copre i fiumi. Essi riescono a sopravvivere grazie a tecniche che sono cambiate ben poco nel corso delle ultime migliaia di anni, cucendosi indumenti di pelli di renna, vivendo in tende costruite con pelli e pali di legno, e migrando con le loro mandrie alla ricerca delle succulente punte di licheni che sono l'unica fonte di nutrimento delle renne.

Alla maggior parte di coloro che, come noi, vivono in un mondo ricco di comfort, riesce difficile immaginare che degli esseri umani possano esistere in condizioni del genere. Eppure i ciukci vivono – e prosperano – in un clima che probabilmente ucciderebbe la maggior parte di noi. Fra tutti

gli ominidi esistiti negli ultimi milioni di anni, solo esseri umani pienamente moderni sono riusciti a sopravvivere nel rigido clima artico. Le condizioni ivi vigenti sono semplicemente troppo dure per consentirvi compromessi: la selezione naturale ha favorito solo i gruppi umani intellettualmente capaci di sopravvivere in questo laboratorio ghiacciato dell'evoluzione.

È certamente questo il motivo per cui troviamo prove dell'occupazione umana nelle regioni artiche dell'Asia solo a partire da 20.000 anni fa. Se gli esseri umani arrivarono nella Siberia meridionale intorno a 40.000 anni fa, come suggeriscono i dati genetici e archeologici, dovettero trascorrere altri 20.000 anni prima che essi sviluppassero compiutamente gli adattamenti culturali necessari per poter vivere nelle dure condizioni dell'Artico. Può anche darsi che fino a quest'epoca non si fossero fatte sentire le pressioni demografiche che sollecitarono presumibilmente la migrazione verso nord. Quale che ne sia stata la ragione, i siti siberiani nordorientali più antichi, come quello di Djuktai, a sud-est di Jakutsk, e del lago Ushki, nella penisola di Kamchatka, risalgono a meno di 20.000 anni fa. Pare che le popolazioni siberiane di quest'epoca abbiano sviluppato una cultura di produzione di utensili distinta da quella di popolazioni che vivevano più a sud e a ovest, in accordo con il loro stile di vita altamente adattato. Questi gruppi furono particolarmente abili nella produzione di microliti, piccole punte di armi che ottenevano percuotendo entrambe le facce di una pietra fino a produrre una forma simmetrica «a foglia». Tipi simili di punte in pietra sono stati trovati anche nei più antichi siti americani scavati, suggerendo una continuità culturale diretta fra la Siberia e il doppio continente americano.

Gli antropologi avevano ipotizzato da molti anni un'origine comune di amerindiani e asiatici. Thomas Jefferson affrontò addirittura il problema nel libro del 1787 *Notes on the State of Virginia*:

... se i due continenti dell'Asia e dell'America sono separati, è solo da uno stretto braccio di mare [...] e la somiglianza fra gli indiani d'America e gli abitanti della parte orientale dell'Asia ci indurrebbero a congetturare che i primi siano i discendenti dei secondi, o i secondi dei primi...

Vari caratteri antropologici – fra cui in particolare la sinodontia (la produzione di un dente dalla fusione di due abbozzi dentari) – si trovano sia nell'Asia nordorientale sia in America. Alla metà del XX secolo antropologi come Carleton Coon avevano addirittura cominciato a classificare gli americani nativi come «mongoloidi» nei loro elenchi delle razze. Il problema era che nessuno sapeva esattamente da quanto tempo gli americani nativi fossero arrivati sul continente, e quando si fossero separati dai loro cugini asiatici. Negli anni '50 del Novecento il metodo del radiocarbonio fornì un'età di 11.000 anni per il sito archeologico di Clovis, nel New Mexico. Fra i resti rinvenuti a Clovis, nello stesso strato che conteneva ossa di mammut, c'erano punte di lance in pietra a forma di foglia, cosa che suggerì immediatamente agli scopritori una grande antichità del sito. Nei due decenni seguenti furono scavati nell'intero Nordamerica siti risalenti press'a poco allo stesso periodo. Dalla documentazione archeologica sembrava risultare che l'uomo dovesse avere occupato le due Americhe non prima di 12.000 anni fa.

Negli anni '70 e '80, però, tre scavi archeologici – uno in Nordamerica e due in Sudamerica – portarono in luce prove di una presenza umana sul continente prima di Clovis. Il riparo roccioso di Meadowcroft, in Pennsylvania, fornì artefatti che inizialmente furono datati col radiocarbonio a circa 14.000 anni fa, anticipando quindi Clovis di tremila anni. Il sito fu scavato con grandissima cura, e benché le date più antiche siano state un po' corrette nel senso di una minore antichità (portandole a circa 12.500 anni fa), esse sono accettate da molti antropologi. Il sito a Monte Verde, nel sud del Cile, fornì date simili a quelle di Meadowcroft, circa 13.000

anni fa, anche se l'età di alcuni artefatti e di tre possibili focolari in un vicino deposito è stata congetturata intorno a 33.000 anni. La data più antica non è stata accettata da molti, cosicché oggi si ritiene che Monte Verde, come Meadowcroft, risalga a circa 13.000 anni fa.

L'età dei resti portati in luce a Monte Verde suggerisce che gli esseri umani debbano essere entrati in Nordamerica almeno varie centinaia di anni prima di raggiungere il Cile, cosa che sposta un po' all'indietro la data del primo insediamento. Ma la vera bomba fu l'ultimo sito. In un articolo pubblicato nel 1986 sulla rivista scientifica *Nature*, l'archeologa Niéde Guidon compendiò la scoperta nel titolo: *Carbon-14 Dates Point to Man in Americas 32,000 Years Ago* (Le date al radiocarbonio suggeriscono la presenza dell'uomo nel doppio continente americano 32.000 anni fa). Era il risultato del suo scavo nella caverna di Boqueirão de Pedra Furada, nel Brasile nordorientale, e sembrava togliere ogni fondamento al consenso sulla data massima di 13.000 anni fa. Un attento esame, però, non ha confermato i risultati dell'antropologa. Il carbone recuperato nel sito, che fu datato col metodo del radiocarbonio e che la Guidon pensò fosse un residuo di un falò, potrebbe invece essere stato prodotto da un fuoco naturale. Inoltre gli artefatti litici più rozzi ivi scoperti non sembrano avere un'origine incontestabilmente umana, ma potrebbero essere il prodotto di rotture naturali della pietra. Questi dubbi hanno condotto il paleontologo Richard Klein a suggerire che « Pedra Furada potrebbe aggiungersi ben presto al lungo elenco delle tesi dubbie [a sostegno di popolamenti umani molto antichi nelle Americhe] ».

In sintesi, la maggior parte delle prove archeologiche attendibili indica una colonizzazione del doppio continente americano non prima di 15.000 anni fa. In questo scenario c'è però un piccolo problema: intorno a questo tempo l'epoca glaciale era nella sua fase di freddo più intenso, e se gli esseri umani provenivano dalla Siberia – come suggeriscono i materiali antropologici e archeologici – dovettero attraver-

sare l'ambiente più ostico esistente sulla Terra proprio nel periodo più difficile. Tutto questo implica un viaggio di una difficoltà inimmaginabile per una specie che solo recentemente aveva abbandonato il suo luogo d'origine tropicale. Dobbiamo ritenere impossibile un'impresa del genere? È a questo punto che la genetica viene in nostro aiuto fornendoci altri indizi.

Doug Wallace, un genetista della Emory University ad Atlanta, aveva contribuito allo sviluppo dell'analisi del DNA mitocondriale delle popolazioni umane quando era ancora studente alla Stanford University, all'inizio degli anni '80 del XX secolo. Quando si trasferì alla Emory, a metà degli anni '80, aveva spostato la sua attenzione sull'origine degli americani nativi. In particolare, stava cercando di usare il DNA mitocondriale come uno strumento per ricondurre l'origine dei primi amerindiani a particolari popolazioni asiatiche. La prima pubblicazione importante delle sue ricerche, nel 1992, insieme ad Antonio Torroni, mostrò che gli americani nativi potevano essere divisi in almeno due ondate migratorie. La prima aveva condotto al popolamento sia del Nordamerica sia del Sudamerica, mentre l'ondata successiva lasciò tracce genetiche solo nel Nordamerica. Le loro stime sulle date possibili di queste migrazioni presentarono ampie oscillazioni, riconoscendo che esse potevano avere avuto luogo in qualsiasi tempo fra 6000 e 34.000 anni fa. I risultati confermarono, però, che gli americani nativi e le popolazioni del nord-est dell'Asia condividevano un'origine mitocondriale comune recente.

Ma come si conciliano questi risultati con i dati in nostro possesso sul cromosoma Y? A questa domanda diedero risposta nel 1996 Peter Underhill e colleghi. Underhill trovò sul cromosoma Y un mutamento in un singolo nucleotide, chiamato in seguito M3, che era comune a tutti gli amerindiani nel doppio continente. Benché il campione degli americani nativi da loro esaminato non fosse affatto esauriente, più del 90 per cento degli individui dell'America meridiona-

le e centrale esaminati risultò essere portatore del marcatore M3, che era presente anche nel 50 per cento circa degli americani nativi del Nordamerica. Era chiaro che esso era il principale marcatore del cromosoma Y degli americani nativi, e che definiva il clan americano.

L'unico problema era che in Asia non si trovava traccia dell'M3. Questo fatto poteva essere dovuto alla sua età, che Underhill e colleghi stimarono non superasse i 2000 anni. La stima dell'età era però estremamente incerta, essendo stata fatta nei primi tempi dell'analisi del cromosoma Y, ed essendo incerto il ritmo di mutazione del singolo microsatellite usato per stimare la diversità dell'M3 (utilizzando lo stesso metodo usato per datare l'M173 in Europa). Perciò non si poteva escludere che esso potesse avere anche un'età di 30.000 anni. Era chiaro che occorrevano altre ricerche.

Queste vennero nel 1999, quando Fabricio Santos e Chris Tyler-Smith, a Oxford, e Tanya Karafet e Mike Hammer, all'Università dell'Arizona, riferirono indipendentemente che l'antenato dell'M3 era definito da un marcatore denominato 92R7, così chiamato da un mutamento in un nucleotide indefinito sul cromosoma Y. Essi trovarono che il 92R7 era presente in popolazioni di tutta l'Eurasia, con una distribuzione dall'Europa all'India. In combinazione con altri mutamenti di nucleotidi, esso indicava nella Siberia il luogo d'origine degli americani nativi, confermando i risultati tratti da Wallace dal DNA mitocondriale. Era però difficile, data la sua grande diffusione, stimare l'età della linea 92R7. Quel che occorreva era un marker aggiuntivo sulla linea genealogica che contribuisse a concentrare l'attenzione sulle precise popolazioni che potevano aver dato origine ai primi americani nativi.

Quando, in seguito, risultò che l'M45 marca la stessa linea evolutiva del 92R7, i risultati acquistarono molto più senso. Ecco il nostro marcatore dell'Asia centrale, lo stesso che ha dato origine all'M173 in Europa. Pare che il clan dell'Asia centrale fosse quindi riuscito a penetrare anche nel

Nuovo Mondo, raccogliendo nel corso di questo processo il marcatore caratterizzante M3. Questo fatto contribuì a tracciare una chiara via delle migrazioni dall'Africa al Medio Oriente, alle Americhe, attraverso le steppe eurasiatiche, lasciandoci però ancora il problema della datazione del primo ingresso nel continente americano. Questo evento, tenendo conto sia dei risultati genetici sia di quelli archeologici, potrebbe essersi verificato in un tempo qualsiasi fra 40.000 e 12.000 anni fa.

Un'analisi recente della linea evolutiva dell'M45 compiuta da Mark Seielstad e da me ha definito un ulteriore marcatore, noto come M242, che è un discendente dell'M45. Pare che esso abbia avuto origine nell'Asia centrale o in Siberia intorno a 20.000 anni fa, e si sia poi distribuito nel continente asiatico, dall'India meridionale alla Cina, alla Siberia, oltre che nelle Americhe. Esso si trova con la massima frequenza in Siberia, e potrebbe quindi essere considerato un marcatore siberiano. È anche direttamente ancestrale all'M3, e definisce un ordine evoluzionistico M45 → M242 → M3 che traccia una migrazione dall'Asia centrale alle Americhe nel corso degli ultimi 20.000 anni. Pare che l'M242 sia il marcatore genetico più antico nelle Americhe. I risultati del cromosoma Y ci hanno quindi dato un quadro del popolamento delle Americhe molto simile a quello abbozzato dai risultati del DNA mitocondriale, limitando però considerevolmente la data dell'ingresso in America. È chiaro che un ingresso prima di 20.000 anni fa è in contraddizione con i risultati genetici, dato che l'M242 si trovava a quell'epoca ancora nell'Asia centrale. È quindi estremamente probabile una migrazione più recente dalla Siberia, in accordo con le prove archeologiche.

Il quadro che sembra emergere dall'analisi genetica degli americani nativi è quello di una migrazione del clan siberiano dalla Siberia meridionale alla Siberia orientale non prima di 20.000 anni fa circa. Questo movimento iniziale portò una popolazione a stabilirsi sul margine nordorientale del-

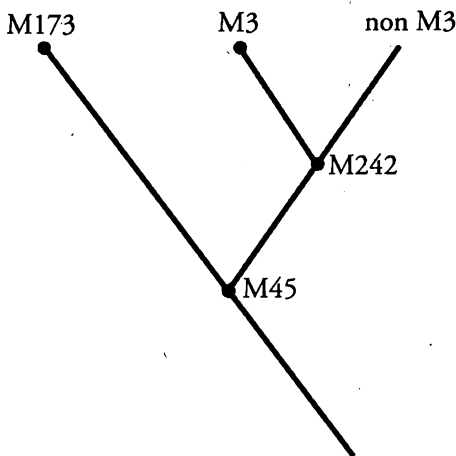



Figura 8. Il marcatore M45 è il progenitore della maggior parte degli europei occidentali (portatori dell'M173) e degli americani nativi (portatori dell'M242 e dell'M3).

l'Asia. Questi uomini, adattati a una vita di cacciatori nelle steppe dell'Asia centrale, dovevano nutrirsi quasi esclusivamente dei grandi mammiferi dell'estremo nord, fra cui il bue muschiato, la renna e il mammut. Abilissimi cacciatori, dotati di microliti scheggiati con grandissima perizia, di tende portatili e di indumenti che permettevano loro di resistere al freddo intenso, questi abitatori ben adattati della tundra dovettero estendere gradualmente il loro habitat verso levante. Mentre le temperature dell'epoca glaciale stavano calando, e una quantità sempre maggiore di umidità veniva intrappolata nei ghiacci, il livello del mare dovette scendere di oltre cento metri. Emerse così in Beringia, fra la Siberia e l'Alaska, uno stretto ponte di terraferma, una striscia di terra libera dal ghiaccio che in precedenza era stata sommersa nel mare di Bering. In questo periodo il clan siberiano dev'essere stato in grado di percorrere questa connessione nei due sensi, vivendo una duplice esistenza asiatico-americana.

Quei primi americani di 15.000-20.000 anni fa avevano

però un altro ostacolo da superare. La loro espansione verso sud fu presumibilmente impedita da una coltre continua di ghiacci che copriva la maggior parte del Canada settentrionale e dell'Alaska orientale. Solo quando il freddo intenso dell'epoca glaciale cominciò ad attenuarsi, intorno a 15.000 anni fa, dovette diventare possibile attraversare l'interno, in precedenza ghiacciato, ed entrare nelle pianure del Nordamerica, forse passando per un « corridoio sgombro dai ghiacci » che alcuni paleoclimatologi credono corresse lungo il margine orientale delle Montagne Rocciose. Fu press'a poco a quest'epoca che si diffusero per la prima volta nel Nordamerica i grizzly, provenienti anch'essi dalla Siberia, mostrando che gli esseri umani non furono l'unica specie a essere stata bloccata dai ghiacci dell'Alaska. Così l'età genetica di 20.000 anni, come pure considerazioni climatologiche connesse con l'estensione della glaciazione e con i livelli del mare, forniscono una spiegazione del fatto che in America non si trovano resti archeologici certi prima di quest'epoca. Anche se gli archeologi potrebbero un giorno scoprire qualche sito archeologico sicuramente anteriore a 15.000 anni fa, oggi la massa delle prove è a favore di un ingresso iniziale nelle Americhe relativamente tardivo. Ossa e pietre sembrano concordare col DNA.

Manifesto destino

È interessante il fatto che i dati genetici degli americani nativi ci permettono di stimare quante persone devono essere entrate in America durante quelle prime migrazioni. Considerando il numero di cromosomi necessario per spiegare l'attuale distribuzione delle linee evolutive in America, e calcolando quanta diversità si sarebbe accumulata durante il tempo in cui esse furono presenti sul continente, si possono spiegare tutti i tipi di DNA mitocondriale e di cromosoma Y presenti oggi negli americani nativi partendo da una popo-

lazione fondatrice di dieci o venti individui. Poiché alcune linee evolutive dovrebbero essersi estinte nel corso degli ultimi 15.000 anni, analogamente a quanto abbiamo visto nel caso delle ricette del brodo francese, quella presentata è certamente una stima sbagliata per difetto del numero di individui che passarono effettivamente dall'Asia all'America. Il numero di coloro che fecero tale viaggio fu più probabilmente di qualche decina, o forse anche di qualche centinaio, di persone. È chiaro, però, che la diversità presente in America è solo una piccola frazione di quella che si trova nell'Eurasia, la quale sembra a sua volta solo un sottoinsieme di quella che si trovava nei nostri progenitori africani. E fra coloro che arrivarono in Alaska, non tutti lasciarono discendenti. Il pool genico degli americani nativi porta in sé un segnale delle avversità affrontate migliaia di anni fa dai loro progenitori asiatici quando avanzarono ancora più in profondità nelle gelide regioni siberiane, strappando a fatica le risorse per vivere alle distese ghiacciate dell'estremo nord.

Dopo essere sopravvissuti ai rigori della vita nel freezer, gli asiatici arrivati dalla Siberia dovettero vedere nelle pianure del Nordamerica una vera terra promessa. Ecco una prateria immensa – molto simile alle steppe che avevano lasciato molto tempo prima nell'Asia centrale – piena di grandi animali al pascolo. Era come se qualcuno, dopo essere andato per settimane alla deriva nell'oceano su una zattera, fosse stato trasportato improvvisamente in un supermercato. Questi cacciatori siberiani estremamente efficienti approfittarono subito della loro buona fortuna, e di conseguenza si registrò un rapido incremento della popolazione. In soli mille anni circa percorsero tutto il doppio continente fino all'estrema punta australe del Sudamerica, contribuendo, nel corso di questo processo, all'estinzione di molte di quelle specie che avevano fatto delle pianure terreni di caccia così ricchi. Tre quarti dei grandi mammiferi americani – fra cui mammut e cavalli – furono spinti all'estinzione intorno a quest'epoca; i cavalli non sarebbero riapparsi in America fino alla loro rein-

troduzione, alla fine del Quattrocento, a opera degli spagnoli. Anche se gli esseri umani non furono forse gli unici responsabili di questa situazione – una funzione importante la svolse quasi certamente il cambiamento di clima alla fine dell'ultima epoca glaciale –, furono però probabilmente loro a infliggere il colpo di grazia decisivo ai miti giganti delle pianure.

Quante ondate?

Uno fra i problemi più controversi nello studio delle origini degli americani nativi è ingannevolmente semplice: quante ondate di immigrati entrarono nel Nuovo Mondo? Se i primissimi americani vennero dalla Siberia, gli immigrati posteriori arrivarono da regioni più lontane? Il cranio « caucasoide » di 9500 anni d'età scoperto recentemente a Kennewick, nello Stato di Washington, suggerisce antiche connessioni con l'Europa. Qualche antropologo crede in migrazioni degli aborigeni australiani verso il Sudamerica, mentre altri pensano che migliaia di anni fa i giapponesi siano riusciti a raggiungere l'America per mare. I dati genetici possono aiutarci a vagliare queste possibilità e a separare il plausibile dall'aria fritta?

Un indizio ci viene fornito dalla linguistica. Le lingue parlate in America – che secondo alcune stime sarebbero più di 600 – sono state per molto tempo oggetto di grandi controversie fra i linguisti. Esse sono imparentate fra loro, o la loro diversità è semplicemente troppo grande perché le si possa raccogliere in alcune « famiglie » linguistiche? Il linguista americano Joseph Greenberg, che svolgerà un ruolo nel capitolo seguente, suggerì negli anni '50 del Novecento che la grande maggioranza delle lingue parlate nelle Americhe appartenga a una singola famiglia linguistica, che chiamò l'amerindiano. Benché quest'ipotesi non sia stata accettata da tutti, Greenberg l'ha sostenuta in modo convincente, e oggi

molti studiosi stanno cominciando ad accettarla. A parte l'amerindiano, che comprende tutte le lingue parlate nel Sudamerica e la maggior parte di quelle parlate nel Nordamerica, i linguisti riconoscono oggi altre due famiglie linguistiche: l'eschimo-aleutino e il na-dene. L'eschimo-aleutino è parlato solo in Groenlandia e nelle parti più settentrionali del Canada, come pure in Alaska e nella Siberia orientale, mentre le lingue na-dene sono parlate nel Canada occidentale e nel sud-ovest degli Stati Uniti. Le famiglie linguistiche ci forniscono un indizio sulla storia delle immigrazioni in America?

Greenberg suggerì che ogni famiglia linguistica avesse avuto origine con una singola migrazione dall'Asia al Nuovo Mondo. I parlanti di ogni lingua l'avrebbero poi diffusa attraverso l'America con le loro migrazioni, producendo la distribuzione che osserviamo oggi. Questo modello implica che dovrebbe esserci qualche correlazione genetica con i gruppi linguistici: dopotutto, se fu il movimento delle persone a causare la diffusione delle lingue, con le persone devono essersi spostati anche i geni. Studi genetici recenti hanno fornito sostegno alla classificazione di Greenberg, suggerendo che ci siano state effettivamente due ondate migratorie che presero l'avvio da parti diverse dell'Asia.

Greenberg pensava che la famiglia linguistica amerindiana fosse stata introdotta dalla prima ondata di migrazione, essendo la più diffusa, oltre che l'unica parlata in Sudamerica. I dati genetici confermano la sua congettura, e le popolazioni che parlano queste lingue nell'intero doppio continente condividono alte frequenze sia del marcatore M242 sia dell'M3, che indicano la loro appartenenza al clan siberiano. Anche i dati sul DNA mitocondriale ottenuti da Torroni e da Wallace confermano un antico popolamento amerindiano delle Americhe. Pare probabile che i nostri cacciatori provenienti dalla Beringia parlassero una lingua ancestrale rispetto alle moderne lingue amerindiane, e che 12.000 anni di divergenza abbiano poi prodotto la straordinaria varietà linguistica che vediamo oggi.

Poiché la famiglia linguistica na-dene era la seconda per diffusione, Greenberg suggerì che fosse stata portata in America da una seconda ondata di immigrati. In effetti si osserva un segnale genetico proprio di questa seconda migrazione. Esso è, cosa assai interessante, nella forma del nostro marcatore costiero, M130. Nelle popolazioni che parlano lingue na-dene, ha questo marcatore almeno il 25 per cento degli uomini, mentre esso presenta frequenze molto minori nelle vicine popolazioni amerindiane del Nord. Cosa molto significativa, l'M130 non si trova in Sudamerica. Le date genetiche indicano che entrò in America non più tardi di 10.000 anni fa, avendo avuto origine nella Cina settentrionale o nella Siberia sudorientale. A quell'epoca il ponte di terraferma di Bering era stato di nuovo inghiottito dal mare, cosicché quasi certamente questi migratori arrivarono in America su un qualche tipo di imbarcazione, migrando lungo le coste. Questa ipotesi ha a proprio sostegno l'attuale distribuzione delle lingue na-dene, che sono limitate alla metà occidentale del Nordamerica. Pare probabile che quegli uomini abbiano seguito la costa del Pacifico fino alla California. La distribuzione delle lingue na-dene che osserviamo oggi riflette la prosecuzione di una migrazione costiera che ebbe inizio in Africa intorno a 50.000 anni fa, muovendo verso est attraverso l'India fino a raggiungere l'Asia sudorientale e l'Australia, prima di dirigersi a nord, verso l'Artico e l'America. Il marcatore costiero rivela i profondi rapporti esistenti fra gli abitanti di questi luoghi molto lontani fra loro.

E che dire delle popolazioni che parlavano lingue eschimo-aleutine? Non pare ci sia un'impronta genetica distinta per questo gruppo, ed è probabile che esso abbia avuto inizio come un sottoinsieme del clan siberiano portatore del marcatore M242, che adottò uno stile di vita costiero. Questi uomini migrarono verso est fino alla Groenlandia, usando i loro kayak nella caccia a trichechi e a foche, ma le loro linee genetiche li riconnettono ai loro avi in Siberia, i cacciatori di mammut della tundra di 20.000 anni fa.

Quanto alle altre migrazioni, dall'Europa o dall'Australia, attualmente non ci sono dati genetici convincenti. Mentre l'M130 sembrerebbe collegare gli americani nativi che parlavano lingue na-dene con gli aborigeni australiani, la relazione è in realtà più profonda, e riflette un'ascendenza comune, decine di migliaia di anni fa, nell'Asia sudorientale. Considerazioni simili si possono fare per gli europei, che condividono un progenitore comune con la maggior parte degli americani nativi, rivelato dalla grande frequenza in entrambi i gruppi del marcatore centroasiatico M45. Inoltre, poiché i siberiani e gli europei del Paleolitico Superiore derivarono inizialmente dalla stessa popolazione dell'Asia centrale, avevano probabilmente all'inizio un aspetto molto simile. L'uomo di Kennewick, essendo un probabile discendente della prima migrazione dalla Siberia al Nuovo Mondo, potrebbe avere conservato i suoi caratteri propri dell'Asia centrale, che hanno potuto essere interpretati come « caucasoidi ». In effetti molti crani di antichi americani sembrano più europei di quelli degli amerindiani di oggi, cosa che ci induce a pensare che il loro aspetto sia cambiato nel corso del tempo. L'aspetto più « mongoloide », o est-asiatico, degli americani nativi moderni potrebbe avere avuto origine nella seconda ondata di migrazione dall'Asia orientale, portatrice della mutazione M130. Non ci sono invece prove di una migrazione di naviganti cinesi o giapponesi, portatori del marcatore M175, attraverso il Pacifico: questo marcatore non si trova infatti nelle popolazioni americane native di oggi. Le prove genetiche sono chiarissime: tutti gli antichi gruppi umani immigrati in America pare vi siano giunti attraverso la Siberia.

Un altro big bang

Diecimila anni fa tutti i continenti del mondo (a parte l'Antartide) erano già stati colonizzati dagli esseri umani. In soli 40.000 anni la nostra specie aveva percorso l'intera distanza

dall'Africa orientale alla Terra del Fuoco, affrontando deserti, alte montagne e le distese ghiacciate dell'estremo nord. L'ingegnosità di quegli uomini era tornata loro assai utile durante tale viaggio, ed essi si erano adattati molto bene a condizioni di vita assai diverse da quelle della loro regione d'origine in Africa. Ma proprio quando questi giramondo del Paleolitico Superiore si stavano sistemando nei loro nuovi territori accadde qualcosa di significativo. Pur avendo avuto inizio come un esperimento banale, questo qualcosa avrebbe cambiato per sempre il modo di interagire degli esseri umani col mondo. Questo fenomeno potrebbe essere chiamato il secondo «big bang» dell'evoluzione umana e, come il grande balzo in avanti, diede inizio a un altro viaggio umano: quello della storia documentata.

8
L'IMPORTANZA DELLA CULTURA

> Quando fu creato il mondo e nacquero gli dèi, ogni dio ricevette un compito nel mantenimento della terra. Questo duro lavoro condusse a lagnanze e a richieste di trovare una soluzione migliore. Un giorno la dea dell'acqua Nammu decise di creare l'uomo dall'argilla; il compito fu affidato a Enki e a Ninmah. Essi bevvero troppa birra e cominciarono a fare un gioco in cui uno di loro creava degli esseri, e l'altro trovava un ruolo per loro. Tre avevano genitali mal formati e divennero sacerdoti. Uno era del tutto incapace di sopravvivere da sé, non riusciva a stare in piedi né a nutrirsi, e dovette essere tenuto in grembo da Ninmah: fu il primo neonato umano.
>
> Mito della creazione sumerico

L'arcipelago delle Hawaii si trova al centro dell'oceano Pacifico, a più di 3200 chilometri dal continente più vicino, il Nordamerica. Oggi è una delle mete principali per i turisti degli Stati Uniti, che ogni anno ne visitano le spiagge a milioni. L'isolamento delle Hawaii sembrerebbe essere smentito dalla brevità del volo dalla California, come pure dai grandi grattacieli e dal traffico di Honolulu. Oggi gli hawaiiani nativi sono una piccola minoranza nella loro patria, ma questo è un fenomeno che riguarda solo gli ultimi cento anni: un tempo gli hawaiiani furono infatti una fra le popolazioni umane più isolate del mondo. Come gli australiani, è chiaro che devono essere arrivati nelle Hawaii da qualche altro posto, dal momento che sulle isole non si trova alcun al-

tro primate. La nozione che essi siano arrivati qui attraversando l'oceano con qualche imbarcazione sembra quasi inconcepibile; e tuttavia, come i nostri migratori costieri di 50.000-60.000 anni fa diretti in Australia, devono avere compiuto tale viaggio.

Quando, nel 1778, il capitano James Cook, al comando della nave *Resolution*, arrivò sull'isola di Kauai non sapeva nulla dell'antico viaggio compiuto dagli hawaiiani per arrivare nel loro remoto arcipelago. Egli stava dirigendo una spedizione esplorativa, destinata a durare quattro anni, nel nord Pacifico, nel tentativo di scoprire l'elusivo passaggio a nord-ovest fra l'Atlantico e il Pacifico. Cook chiamò l'arcipelago isole Sandwich, in onore del conte di Sandwich, suo benefattore. Gli hawaiiani nativi, per quanto interessanti come esemplari antropologici, non furono accettati come uguali, e venne addirittura ignorato il nome con cui chiamavano la loro isola.

Cook notò il carattere primitivo degli hawaiiani e in particolare il fatto che fossero ancora nell'« Età della Pietra » e non avessero il beneficio né dell'uso dei metalli né della scrittura. La loro reazione di incredulità, al primo incontro con la *Resolution*, nel vederne le attrezzature nautiche, indusse Cook a concludere che non fossero mai stati a bordo di una nave. Nonostante il loro stile di vita primitivo, gli hawaiiani avevano però compiuto un epico viaggio per mare per raggiungere la loro nuova patria. E non erano stati gli unici; l'arcipelago più vicino alle Hawaii è quello delle isole Marchesi, 3500 chilometri a sud-est, e oltre quello ci sono altri 1500 chilometri di oceano aperto prima di raggiungere le Isole della Società, ancora nel centro dell'oceano Pacifico. Se le Hawaii erano state occupate usando il metodo più diretto del salto fra un'isola e l'altra (e fra un arcipelago e l'altro), minimizzando così la distanza percorsa fra ogni isola abitata, dovevano esserci stati almeno due immensi passaggi in mare, oltre a molti altri salti minori. Era chiaro che non era stato un modo di procedere casuale. I navigatori poline-

siani che avevano colonizzato le Hawaii erano provetti navigatori, capaci di navigare fra i lontani avamposti di terre emerse nelle immensità del Pacifico senza disporre di bussole o di orologi per poter determinare la longitudine.

Oggi tutti concordano, sulla base delle prove archeologiche più antiche della presenza umana in Polinesia, che questi abili navigatori abbiano compiuto i loro viaggi nel corso degli ultimi 4000 anni. Che cosa li condusse a compiere quel grande balzo nel mondo ignoto del Pacifico? E se l'uomo era stato capace di attraversare oceani aperti almeno dal tempo dei primi australiani, perché aveva lasciato passare così tanto tempo prima di colonizzare la Polinesia? Per trovare le risposte a queste domande dovremo fare un passo indietro nell'Eurasia, alla ricerca dei fattori che condussero all'odissea dei polinesiani.

Una rottura col passato

Tell el-Sultan si trova 25 chilometri a nord-est di Gerusalemme, sul versante orientale dei monti della Giudea. La parola araba *tell* indica un tumulo lasciato dall'occupazione umana, e gli archeologi vi hanno compiuto scavi a partire dal decennio 1871-1880. Per lo più vi cercavano prove a sostegno delle storie narrate dalla Bibbia, e gli strati superiori a Tell el-Sultan appartengono, in effetti, alla città biblica di Gerico: il nome usato più spesso per questo sito. Questi resti posteriori, risalenti agli ultimi 4000 anni, furono esaminati con la massima diligenza, ma nel corso del loro lavoro gli archeologi scoprirono prove di un'occupazione anteriore. Gli strati più antichi furono però esplorati sistematicamente solo nel 1950, con le ricerche mirate di Kathleen Kenyon. Quel che essa trovò avrebbe cambiato la nostra concezione della storia umana.

La Kenyon trovò prove del fatto che l'insediamento umano di Gerico risaliva grosso modo al 10.000 a.C., a comuni-

tà di cacciatori-raccoglitori che dipendevano dalla presenza di cacciagione e d'acqua nello stesso modo dei loro progenitori del Paleolitico Superiore, 30.000 anni prima. Subito sopra questo livello, essa trovò i resti di un'antica comunità agricola, risalente al periodo immediatamente successivo. I crani decorati con conchiglie da lei riportati in luce – una prova di un culto degli avi – sono fra gli artefatti più noti in archeologia. Questi e altri resti di grande interesse fecero della Kenyon una fra gli archeologi più famosi del suo tempo, ma fu l'epoca di questi insediamenti che avrebbe avuto il massimo impatto sullo studio della Preistoria. Fino a quest'epoca i più antichi fra i villaggi noti erano stati datati al V millennio a.C., mentre le prime vere città sarebbero apparse solo duemila anni dopo. Usando i metodi al radiocarbonio, si poterono ora datare gli strati urbani inferiori di Gerico all'8500 a.C. circa: questo singolo scavo spingeva quindi indietro di 4000 anni la data dei primi insediamenti umani permanenti. Gli scavi della Kenyon a Gerico avevano rivelato le prove più antiche al mondo di una società agricola sedentaria.

Nel mondo moderno, con i suoi insediamenti densamente popolati e con l'importanza dell'agricoltura e dell'allevamento, è facile dimenticare che solo poche centinaia di generazioni fa noi eravamo tutti cacciatori-raccoglitori. Dal Paleolitico in poi, la vita è cambiata, per la maggior parte dell'umanità, in modo così totale da farci immaginare inconsciamente che l'uomo abbia sempre vissuto come vive oggi. In realtà, come dimostrano di prima mano gli scavi profondi eseguiti a Gerico, intorno a 10.000 anni fa ci fu un'improvvisa transizione dalla caccia e raccolta alla vita sedentaria. Quel che c'è di particolarmente affascinante in questa transizione è il fatto che essa si verificò quasi nello stesso tempo in varie località del mondo indipendenti fra loro. Ciò suggerisce che le popolazioni del Paleolitico Superiore siano state indotte da una comune ragione ad abbandonare la loro vita nomade e a sedentarizzarsi.

La cultura del Medio Oriente che precedette immediatamente gli strati più antichi (coincidenti con il Neolitico) dell'insediamento stabile a Gerico appartiene a una tradizione culturale di breve durata nota come il Natufiano, così chiamata dal primo sito in cui fu scoperta, Wadi al-Natuf in Israele. L'economia natufiana si fondava sulla raccolta dei semi di cereali, in particolare dei progenitori selvatici del frumento e dell'orzo, che abbondavano a quell'epoca in Medio Oriente. Era la fine dell'ultima epoca glaciale, e il clima del Mediterraneo orientale stava riscaldandosi. Il miglioramento del clima favorì la crescita di grandi distese di cereali e di piante come il noce a latitudini maggiori che durante l'epoca glaciale, permettendo così ai natufiani di sfruttare queste nuove risorse. Specializzandosi su specie abbondanti, essi poterono insediarsi stabilmente nei luoghi in cui crescevano le piante più utili per loro e raccoglievi abbastanza cibo per sopravvivere.

Gli archeologi del Medio Oriente hanno trovato che la fine dell'ultima epoca glaciale fu un periodo di intensa variazione climatica nel Mediterraneo orientale, con una tendenza generale a passare dal clima continentale a quello mediterraneo. Come riassume l'archeologo Brian Fagan, ciò ebbe l'effetto di produrre una zona ecologica con lunghe estati asciutte e brevi inverni umidi. L'effetto di questo mutamento di clima fu quello di favorire le graminacee, piante per lo più erbacee, le quali producono in primavera i semi che resteranno poi dormienti per tutta l'estate. Gli antichi esseri umani dovevano sfruttare la relativa abbondanza di cibo durante la primavera, raccogliendo grandi quantità di semi e immagazzinandoli per consumarli nel corso dell'anno. Questo tipo di raccolta del cibo concentrata in un determinato periodo dell'anno dovette favorire uno stile di vita sedentario, che fissò la scena per la rivoluzione che sarebbe seguita.

Dopo il 9000 a.C. le estati del Mediterraneo orientale divennero sempre più secche, mentre si facevano sentire appieno gli effetti dell'aumento delle temperature a livello globale.

Questo fenomeno, riducendo la resa dei cereali, avrebbe dovuto favorire la mobilità (come i periodi di aridità nel lontano passato), mentre la necessità di immagazzinare i semi raccolti doveva avere l'effetto opposto di legare i natufiani a una sede stabile. In capo a pochi secoli, l'azione di queste due forze – i raccolti ridotti e uno stile di vita relativamente sedentario – avrebbe condotto qualche insediamento natufiano come Gerico a tentare un'altra innovazione: piantare una parte dei cereali raccolti (che in realtà sono semi) per semplificare poi la raccolta. Le ricerche della Kenyon a Gerico ricostruirono lo sviluppo del Neolitico, o « Età della Pietra nuova », dopo l'introduzione di questa innovazione. Archeologi e antropologi continuano a discutere su che cosa accadde dopo la coltivazione dei primi cereali: in particolare, se il bisogno di un approvvigionamento sicuro d'acqua per poter coltivare i cereali abbia condotto allo sviluppo dell'irrigazione, la quale potrebbe a sua volta avere condotto a sviluppare una legislazione sui diritti di accesso all'acqua, gerarchie sociali e via dicendo. Quel che è chiaro è che la fine dell'epoca glaciale pare aver messo in moto una serie di eventi destinati a culminare nel giro di un migliaio di anni nello sviluppo di comunità agricole sedentarie. Era arrivata quella che l'archeologo V. Gordon Childe chiamò la « rivoluzione del Neolitico ».

Il secondo big bang

Il Neolitico segnò una svolta per la specie umana. Fu a questo punto che cessammo di essere totalmente dipendenti dal clima – com'era avvenuto nelle nostre peregrinazioni durante il Paleolitico – e cominciammo ad assumere il controllo del nostro destino. Adottando l'agricoltura, l'uomo del Neolitico diede inizio a vari sviluppi che caratterizzano la civiltà moderna. Il primo è quello della scelta. I natufiani che vivevano a Gerico presero la decisione deliberata di non percorrere più vari chilometri ogni giorno per andare a raccogliere

il cibo. Essi decisero invece di plasmare l'ambiente per renderlo favorevole alle loro esigenze, modificando la natura in modo da alleggerire i propri compiti. Benché alcuni cacciatori-raccoglitori praticassero forme di controllo dell'ambiente (gli australiani, per esempio, davano periodicamente alle fiamme gli arbusti per favorire la crescita delle piante erbacee di cui si cibavano gli animali da loro cacciati), i primi agricoltori del Medio Oriente, della Cina e dell'America controllavano direttamente le specie vegetali da loro sfruttate. Ciò diede loro una scelta maggiore su dove vivere, e permise loro di prosperare anche in aree che si erano rivelate marginali per la caccia e la raccolta.

Il secondo sviluppo fu quello di una forte crescita della densità di popolazione. Una delle conseguenze dell'agricoltura e dell'immagazzinamento del cibo prodotto è il venir meno della necessità di uno sfruttamento limitato delle risorse: dopotutto, se si vogliono più figli, basta semplicemente seminare di più per avere poi un raccolto più abbondante. Benché questo modo di presentare le cose sia forse una ipersemplificazione, è vero che le società agricole sedentarie hanno una densità di popolazione maggiore di quelle dei cacciatori-raccoglitori. Questo fatto, unitamente alla possibilità di scegliere dove vivere, può condurre a espansioni demografiche molto rapide, con gli agricoltori che si disseminano su un'intera regione. I paleodemografi, che studiano la grandezza delle popolazioni del passato usando metodi archeologici e antropologici, stimano che al tempo dell'inizio dell'agricoltura l'intera popolazione del mondo si aggirasse intorno a 10 milioni di individui, e che sia salita a più di 500 milioni all'alba dell'Età industriale, intorno al 1750. Se le popolazioni di cacciatori-raccoglitori del Paleolitico avevano impiegato più di 50.000 anni a passare da alcune migliaia di individui che vivevano nell'Africa subsahariana ad alcuni milioni disseminati in tutto il mondo, è chiaro che le popolazioni agricole degli ultimi 10.000 anni riguadagnarono rapidamente tutto il tempo perduto.

L'ultimo carattere nuovo della rivoluzione del Neolitico consiste nell'avere dimostrato l'importanza della nuova tecnologia per la disseminazione dell'uomo nel mondo. In modo molto simile a quello in cui gli abitanti delle steppe dell'Asia centrale di 20.000 anni fa sfruttarono la loro superiorità tecnologica per occupare aree della Siberia che erano state rigorosamente proibite ai nostri progenitori ominidi, anche i nostri avi più recenti conseguirono un vantaggio nell'adattamento grazie alla tecnologia. Il primo importante sviluppo tecnologico degli ultimi 10.000 anni fu l'agricoltura, la quale mise in moto una grande accelerazione nell'evoluzione sociale umana. Come vedremo, sarebbero trascorsi altri 9000 anni prima che una serie di sviluppi di pari importanza desse inizio a un'altra epoca della storia dell'evoluzione umana. È chiaro che lo sviluppo dell'agricoltura fu un evento di importanza centrale. Se il grande balzo in avanti aveva preparato la scena per il primo big bang nella storia umana, che ci condusse a colonizzare il mondo, l'agricoltura avrebbe dato il via al secondo: quello che avrebbe lanciato la nostra specie nell'epoca moderna.

La ricaduta genetica

Se l'agricoltura svolse un ruolo critico nello sviluppo della società moderna, altrettanto pronunciati furono gli effetti genetici dell'agricoltura. Mentre i cacciatori-raccoglitori del Paleolitico Superiore tendevano a mantenere una popolazione dalle dimensioni abbastanza stabili, tranne quando si trattava di colonizzare nuovi territori, le società agricole erano in grado di espandersi massicciamente senza dover migrare altrove. Una volta però che le dimensioni di una comunità agricola erano cresciute oltre un certo limite, una parte dei suoi abitanti si spostava alla ricerca di nuove terre da coltivare, portando con sé i propri marcatori genetici. Una delle conseguenze di ciò è l'espansione, ancor oggi osservabile,

di certe linee genetiche, che ci dà un'idea dell'origine e della diffusione dell'agricoltura. Nel caso del Medio Oriente, i genomi degli eurasiatici occidentali moderni conservano ancora un segnale degli eventi verificatisi a Gerico 10.000 anni fa.

Gli archeologi sanno già da molto tempo che l'agricoltura si diffuse in Europa nel corso di varie migliaia di anni, a partire dalla sua origine nella «Fertile mezzaluna» in Medio Oriente. Le tracce più antiche sono state portate in luce nei Balcani, mentre sempre più tardive sono quelle che si trovano mentre ci si sposta verso nord-ovest. Gli antichi britanni abbandonarono il loro stile di vita di cacciatori-raccoglitori sette millenni dopo i loro cugini di Gerico. Cosa cruciale, nell'onda dell'agricoltura che avanzava in Europa, facevano la loro apparizione esattamente le stesse piante coltivate inizialmente nella Fertile mezzaluna. Pare che lo stile di vita dei cacciatori-raccoglitori sia stato gradualmente sostituito dalla nuova invenzione mediorientale.

Negli anni '70 del Novecento Luca Cavalli Sforza, insieme ai colleghi genetisti Alberto Piazza e Paolo Menozzi, iniziò uno studio sugli effetti genetici dell'agricoltura. La domanda che essi si posero fu quella del modo in cui si era diffusa l'agricoltura. In particolare, volevano sapere se la migrazione dell'agricoltura in Europa fosse stata accompagnata da una migrazione di gruppi di popolazione o se ci fosse stata semplicemente la diffusione di un nuovo sviluppo culturale, l'MTV del suo tempo. Essi stavano ponendosi in effetti una domanda sulla composizione genetica degli europei moderni. C'erano prove di un'espansione di certi marcatori genetici a partire dal Medio Oriente, o gli europei moderni appaiono relativamente esenti da marcatori del Neolitico?

All'epoca in cui fu compiuto questo studio, gli unici dati disponibili erano quelli sui marcatori «classici» di cui ci siamo occupati nel capitolo 2: gruppi sanguigni e altri marcatori di proteine delle cellule che svolgevano la funzione di utili polimorfismi, ma che fornivano ben poche informazioni sui mutamenti di sequenze del DNA sottostante. L'analisi

di questi polimorfismi condusse Cavalli Sforza e colleghi a concludere che c'era stata una migrazione in massa di geni dal Medio Oriente, e che la distribuzione genetica era molto simile a quella osservata per la prima apparizione dell'agricoltura: il segnale genetico diminuiva regolarmente man mano che ci si spostava da sud-est verso nord-ovest attraverso l'Europa. I metodi di analisi usati in tale studio limitarono ciò che i ricercatori potevano inferire dalla loro ricerca, non essendo possibile ottenere dati accurati per questa migrazione; ma le loro scoperte confermarono la teoria che l'agricoltura si era diffusa insieme agli agricoltori nel corso di un lento movimento di popolazione, più che come un fenomeno puramente culturale che fosse «migrato» man mano che gli europei del Paleolitico imparavano le tecniche dell'agricoltura.

I risultati di Cavalli Sforza furono universalmente accettati, conducendo al modello della diffusione dell'agricoltura come un'«onda di progresso». L'assunto fatto da molti (ma non da Cavalli Sforza e dai suoi colleghi) fu che la maggior parte del pool genico degli europei avesse un'origine neolitica, dal momento che questa era la configurazione genetica più pronunciata in Europa (anche se successive ricerche di Cavalli Sforza dimostrarono che esso spiegava in realtà meno di un terzo della variazione genetica). Molti antropologi rimasero scettici, ma prima che il modello ricevesse un serio riesame sarebbero trascorsi ancora più di vent'anni. Questa nuova valutazione venne verso la fine del XX secolo, con una dettagliata analisi delle linee evolutive del DNA mitocondriale in Europa e nell'Asia sudoccidentale, compiuta da Martin Richards e colleghi all'Università di Oxford. In una serie di articoli scientifici, essi analizzarono le linee genetiche del DNA mitocondriale in una selezione di popolazioni in Europa e Medio Oriente, datando le linee evolutive con metodi simili a quelli che ho illustrato in precedenza nel corso del libro. Ciò permise loro di valutare i contributi relativi di varie migrazioni al pool genico europeo. I loro risul-

tati suggerirono che, lungi dall'avere avuto un effetto genetico significativo sulla popolazione europea, l'espansione dell'agricoltura aveva coinvolto pochissimi emigranti dal Medio Oriente. Pare che la maggior parte delle linee evolutive esistenti oggi negli europei siano state presenti fin dal tempo del Paleolitico Superiore, fra 20.000 e 40.000 anni fa.

Una delle obiezioni allo studio di Richards, sollevata da Cavalli Sforza e da altri, fu che il DNA mitocondriale forniva in realtà ben poca risoluzione fra le popolazioni europee. Era difficile, per esempio, distinguere fra europei orientali e occidentali sulla base dei soli dati del DNA mitocondriale, in quanto essi hanno distribuzioni molto simili dei marcatori dell'mtDNA. Tuttavia, i risultati erano molto interessanti. Quel che occorreva fare era osservare anche la linea maschile, con la sua maggiore risoluzione intrinseca, per vedere se presentava lo stesso modello.

Ciò fu fatto infine nel 2000, quando Ornella Semino e i suoi colleghi (fra cui Cavalli Sforza) analizzarono il cromosoma Y di più di un migliaio di uomini dell'Europa e del Medio Oriente, cercando specificatamente prove dell'espansione agricola. La loro conclusione fu che le linee evolutive definite dai marcatori delle popolazioni neolitiche del Medio Oriente si trovano solo in una minoranza di europei moderni. In effetti i risultati dello studio del cromosoma Y concordano quasi perfettamente con i dati del DNA mitocondriale, suggerendo che l'80 per cento del pool genico europeo risalga ad altre ondate migratorie, verificatesi primariamente nel corso del Paleolitico. Negli europei occidentali, questa componente del Paleolitico è definita in gran parte dal marcatore M173, di cui ci siamo occupati soprattutto nel capitolo 7, che collega l'Europa all'Asia centrale. Solo il 20 per cento dei cromosomi Y degli europei – definito da marcatori più recenti, e particolarmente da quello noto come M172 – deriva da immigrati neolitici dal Medio Oriente. In effetti gli europei moderni sono in gran parte geneticamente Cro-Magnon, sia dal lato materno sia da quello paterno.

Con ciò non intendo dire che l'avvento dell'agricoltura non abbia esercitato alcun effetto sull'Europa: tutt'altro. C'è una chiara documentazione genetica di un'espansione significativa della popolazione europea dopo la fine dell'ultima epoca glaciale, alla quale ha certamente contribuito l'inizio della produzione di cibo. Prove a sostegno di questa tesi sono state fornite da un'analisi recente di David Reich, del Massachusetts Institute of Technology, e colleghi. Essi studiarono marcatori di molte regioni indipendenti del genoma, trovando un modello di variazione che suggeriva che la popolazione europea avesse subìto una consistente diminuzione fra 30.000 e 15.000 anni fa, nel periodo più freddo dell'ultima epoca glaciale. A questa fase seguì poi, a partire dai pochi superstiti della glaciazione, un'espansione demografica che produsse la relativa scarsità di variazione che si osserva in Europa oggi. In altri termini, la popolazione umana era passata per un cosiddetto collo di bottiglia: una riduzione in numero seguita da un periodo di crescita. Questo modello della crescita postglaciale della popolazione è confermato anche dalle variazioni osservate nel DNA mitocondriale. Le prove archeologiche suggeriscono che, durante il periodo di massima espansione dei ghiacci, intorno a 16.000 anni fa, la popolazione paleolitica dell'Europa fosse confinata nella penisola iberica, nell'Italia meridionale e nei Balcani, e che le popolazioni umane si espansero poi a nord durante il periodo postglaciale. Quasi certamente l'agricoltura contribuì a metter fine a quest'espansione della popolazione, permettendo densità di popolazione molto più elevate.

Come possiamo riconciliare l'«onda di progresso» con il modello osservato per il cromosoma Y e per il DNA mitocondriale di una popolazione paleolitica europea che è stata toccata relativamente poco dall'immigrazione del Neolitico? Il modello osservato da Cavalli Sforza e colleghi chiaramente esiste, ma essi stavano studiando distribuzioni a grande scala attraverso l'intera Europa e il Medio Oriente. L'espansione agricola coincise semplicemente con un afflusso di gruppi

umani in Europa, ma ci sono chiare prove archeologiche di vari altri movimenti di popolazioni. Come dimostrò l'analisi posteriore di Cavalli Sforza e colleghi, tale movimento spiegava tuttavia una minoranza della variazione genetica in Europa. Inoltre, poiché l'« onda di progresso » non ha una stima di età, la componente neolitica potrebbe essere stata confusa con l'immigrazione paleolitica dal Medio Oriente. Infine, poiché nella loro analisi non furono incluse le popolazioni dell'Asia centrale (al tempo in cui fu condotto il loro studio non c'erano dati disponibili), può darsi che il modello rifletta una tendenza migratoria generale dall'Asia all'Europa durante il Paleolitico Superiore. Dopotutto, se disponessimo dei soli dati sul cromosoma Y per il Medio Oriente e per l'Europa, ne inferiremmo che le popolazioni portatrici del marcatore M89 fossero migrate in Europa dai Balcani, dando origine all'M173 in Europa. Possiamo invece ricondurre l'insediamento europeo del Paleolitico Superiore a popolazioni provenienti dall'Asia centrale solo perché sappiamo che l'M173 ha avuto origine su una linea genealogica contenente l'M45.

I dati Y forniscono in realtà una soluzione parziale dell'enigma. Pare che le popolazioni del sud dell'Europa abbiano sperimentato un maggiore afflusso di agricoltori neolitici dal Medio Oriente, portatori di marcatori come l'M172, rispetto agli europei del Nord. Uno scenario possibile è che l'agricoltura si sia diffusa dapprima intorno al Mediterraneo, dato che gli immigrati neolitici dal Medio Oriente preferivano questo clima, simile a quello del Levante. Solo più tardi gruppi europei indigeni del Paleolitico portarono l'agricoltura nell'interno, diffondendo dovunque la cultura del Neolitico, ma solo una piccola percentuale dei geni. Pare che i Cro-Magnon dell'Europa orientale abbiano preso la decisione cosciente di abbandonare lo stile di vita del Paleolitico per un nuovo stile di vita, proprio del Medio Oriente, insieme a una piccola minoranza di immigrati mediorientali.

Gli uomini del riso

Se la complessità della diffusione del Neolitico in Europa rende difficile un'interpretazione semplice dei dati genetici, è un po' più chiara la situazione nell'altro centro importante di domesticazione in Asia. Il modello di insediamento e di intenso sfruttamento di alcune specie di piante che caratterizzò il Medio Oriente si osserva per lo stesso tempo anche in Cina. Siti nel nord di questo grande Paese, come Banpo e Zhangzhai, nella provincia dello Shansi, presentano prove della coltivazione del miglio già intorno al 7000 a.C. Pare che questa pianta, un cereale come il frumento, sia stata domesticata intorno al fiume Giallo, diffondendosi da qui nel resto della Cina settentrionale. I resti trovati a Pengtoushan, sullo Yangtze, nella Cina centrale, indicano che press'a poco nello stesso tempo vi veniva coltivato indipendentemente il riso. In entrambi i siti, per immagazzinare il grano si usavano recipienti in terracotta, e la gente viveva in case d'argilla costruite con grande cura, cosa che induce a pensare che lo stile di vita del Neolitico vi fosse ben sviluppato già in un'epoca così antica. L'agricoltura si diffuse presto in tutta la Cina, e il riso dominò al sud, dove fu favorito dall'umidità e dall'abbondanza d'acqua. La coltivazione del riso si diffuse lungo il corso dello Yangtze e fu molto capillare nella Cina meridionale intorno al 5000 a.C., forse facilitata da una seconda domesticazione, indipendente, lungo la costa. Intorno al 3500 a.C. il riso era coltivato a Taiwan, e nel 2000 a.C. anche nel Borneo e a Sumatra, raggiungendo il resto dell'arcipelago indonesiano intorno al 1500 a.C. In generale, le prove archeologiche suggeriscono che la coltivazione del riso si sia diffusa da una regione d'origine nella Cina centromeridionale alle isole del sud-est asiatico nello spazio di soli tremila anni, ossia su tempi simili a quelli dell'espansione agricola in Europa. Diversamente che in Europa, però, c'è un segnale genetico molto forte di quest'espansione, il quale suggerisce che ci siano stati movimenti di popolazione, e non solo di cultura.

Nel capitolo 6 abbiamo appreso che una linea evolutiva discendente dal marcatore M9, nota come M175, è diffusa nell'Asia orientale. Fondandoci sulla sua distribuzione attuale, possiamo ipotizzare che questo marcatore abbia probabilmente avuto origine nella Cina settentrionale o in Corea. Osservando il modello delle variazioni di Y nelle popolazioni cinesi moderne, oggi risulta chiaro che i primi agricoltori in Cina furono discendenti dell'M175. In effetti più di metà dell'intera popolazione maschile cinese ha cromosomi Y definiti da un marcatore che offre prove di una forte espansione negli ultimi 10.000 anni. L'M122, che apparve per la prima volta su un cromosoma M175, è oggi diffuso nell'intera Asia orientale. Esso si trova difficilmente a ovest delle grandi catene di montagne dell'Asia centrale, e non ricorre affatto nel Medio Oriente o in Europa. È questa la distribuzione che ci attenderemmo di trovare nel caso di un'espansione recente, e non di un evento antico, che normalmente lascia tracce più diffuse.

I dati genetici mostrano che lo sviluppo della coltivazione del riso in Asia orientale creò un'onda di progresso. Tuttavia, mentre l'onda che invase l'Europa a partire dalla Fertile mezzaluna sembra essersi dissipata in gran parte dopo avere inondato il Mediterraneo, quella che prese l'avvio dalla Cina saturò l'intera Asia orientale. Oggi il marcatore M122, che contraddistingue i discendenti dei primi risicoltori cinesi, si trova dal Giappone a Tahiti. Uno studio recente di David Goldstein e colleghi, all'University College di Londra, mostra che la diversità microsatellitare sul cromosoma M122 è molto alta in Cina e a Taiwan, ma cala significativamente man mano che si procede verso sud nella Malaysia peninsulare e in Indonesia. Questo è esattamente quanto ci attenderemmo da un'espansione demografica iniziata in Cina negli ultimi 10.000 anni, che ha un esatto parallelismo con le prove archeologiche della diffusione della coltivazione del riso. L'M122, congiuntamente a un aplotipo cinese connesso (anch'esso un discendente dell'M175), definito dal marcatore

M119, spiega quasi metà dei cromosomi Y nell'Asia sudorientale. In Europa, invece, gli immigranti del Neolitico spiegano solo il 20 per cento della presente diversità del cromosoma Y. Rispetto all'Europa, l'onda di progresso nell'Asia orientale pare sia stata piuttosto una specie di tsunami.

Falce a doppio taglio

La grande espansione demografica resa possibile dall'adozione dell'agricoltura – indipendentemente dal fatto che l'espansione sia stata della popolazione degli inventori di questa nuova tecnologia (come avvenne in Asia orientale) o della popolazione che si limitò ad adottarla apprendendola da altri (come avvenne in gran parte d'Europa) – suggerisce che questa innovazione debba essere stata incondizionatamente positiva. Dopotutto, se il successo è testimoniato dall'entità delle sue conseguenze, un grande aumento delle popolazioni agricole deve avere comportato che, dopo la transizione del Neolitico, le condizioni di vita migliorarono. Prove recenti suggeriscono però che potrebbe non essere stato così.

I primi agricoltori, quando optarono per un'esistenza sedentaria, si esposero a una nuova serie di rischi. Il più importante fu una diminuzione della varietà delle loro risorse. Concentrando la coltivazione su alcune specie, ridussero le scelte a loro disposizione nell'eventualità di un cambiamento di clima. Siccità, periodi di intenso raffreddamento (come i periodi «*Dryas*»[1] alla fine dell'ultima epoca glaciale) e spostamenti dei corsi d'acqua erano altrettante evenienze facilmente controllabili dai cacciatori-raccoglitori del Paleolitico, i quali reagivano a ognuno di questi cambiamenti trasferendosi in un'altra area con risorse migliori. Le grandi migrazioni degli esseri umani del Paleolitico – di cui ci siamo occupati nei capitoli 4-7 – furono determinate quasi completamente dal clima. Una volta che gli esseri umani ebbero adottato l'agricoltura divennero più riluttanti a muoversi. Questo

fatto condusse a occasionali carestie, come quelle che osserviamo oggi in molte parti del mondo in via di sviluppo. Nei primi tempi dell'agricoltura, durante le turbolente condizioni climatiche dell'inizio del periodo postglaciale, gli episodi di carestia dovettero essere ancora più frequenti.

La seconda fra le preoccupazioni principali degli agricoltori neolitici fu l'aumento delle malattie. Anche se i cacciatori-raccoglitori possono darci l'impressione di avere avuto una vita difficile, fondandosi su una tecnologia apparentemente «primitiva» e sulla necessità di uccidere un numero sufficiente di prede, o di raccogliere una quantità sufficiente di cibo per poter sopravvivere, essi furono in effetti sorprendentemente sani. Pur essendo più esposti a fratture e ferite dei loro discendenti sedentari del Neolitico, non pare che gli uomini del Paleolitico vivessero meno a lungo. Al contrario, gli scheletri dei membri delle prime comunità agricole del Neolitico ci inducono a pensare che i più antichi agricoltori possano avere avuto in realtà una vita *più breve* dei loro vicini cacciatori-raccoglitori, fenomeno che potrebbe essere dovuto in gran parte a un aumento delle malattie.

Le malattie infettive non hanno origine spontaneamente come prodotto secondario di uno stile di vita sedentario, ma sono piuttosto una conseguenza dell'esposizione a organismi patogeni, con trasmissione della malattia da un organismo infettato a un altro. La maggior parte delle malattie possono esistere solo in grandi popolazioni, dove rimane infettato un numero-soglia di individui, permettendo alla malattia di rimanere attiva nella popolazione. Queste sono le cosiddette malattie endemiche, come il vaiolo o la febbre tifoide. Per mantenere la malattia è necessaria una popolazione di varie centinaia di migliaia di persone; in mancanza di questo numero di persone la malattia si perde, in quanto non rimane più un numero sufficiente di persone suscettibili di essere infettate. Popolazioni di questa grandezza hanno avuto origine solo dopo lo sviluppo dell'agricoltura. Altre malattie possono essere introdotte solo da una fonte esterna,

come un animale. Benché gli esseri umani avessero già avuto contatti con animali attraverso il loro stile di vita di cacciatori-raccoglitori, il tipo di stretto contatto prolungato che favorisce la diffusione della malattia si ebbe solo dopo la domesticazione di animali nel Neolitico. Il morbillo, per esempio, è un parente stretto della peste bovina. È probabile che la domesticazione di bovini, intorno a 10.000 anni fa, abbia introdotto la malattia nelle popolazioni del Neolitico. Lo storico William McNeill ha suggerito che molte fra le malattie descritte nella Bibbia possano avere avuto origine con le prime malattie epidemiche, agli inizi del passaggio all'agricoltura nell'Eurasia.

L'ultimo aspetto negativo di uno stile di vita sedentario fu la crescente stratificazione della società. In generale i cacciatori-raccoglitori sono notevolmente egualitari, avendo poche divisioni sociali. Normalmente, se si prendono come modelli popolazioni moderne, come quella dei san o degli aborigeni australiani, c'è un capo che emette giudizi su alcuni aspetti della vita del gruppo, ma non ci sono divisioni sociali formalizzate come quelle esistenti in società sedentarizzate. La guerra su grande scala è rara nelle società di cacciatori-raccoglitori – benché anche qui possano verificarsi scontri fra gruppi – forse perché ci sono semplicemente meno cose per cui lottare (per esempio nel senso di ricchezze accumulate). La grande crescita demografica durante il Neolitico creò condizioni in cui qualche forma di stratificazione sociale diventava inevitabile. Una volta accaduto ciò, la presa del potere e la crescita di imperi non furono più molto lontane: questo fenomeno ebbe come conseguenza guerre su una scala ignota nel Paleolitico. E benché la guerra fosse già abbastanza negativa di per sé, ebbe anche un ulteriore effetto su altri aspetti della vita nel Neolitico. L'alta mortalità associata alla guerra su grande scala fu probabilmente aggravata dalla diffusione delle malattie e dalla distruzione di terreno agricolo durante le ostilità, cosa che condusse a una viziosa reazione a catena sulla mortalità.

Se consideriamo tutti gli aspetti negativi della rivoluzione neolitica, ci viene da domandarci perché i nostri antenati abbiano abbracciato il nuovo stile di vita. In realtà non tutti lo fecero: piccole sacche di cacciatori-raccoglitori continuano a esistere in quasi tutte le regioni del mondo. Probabilmente le loro ragioni per mantenere uno stile di vita antico ebbero qualcosa a che fare con l'ambiente (per esempio i san e gli aborigeni australiani vivono in terreni aridi, marginali, difficili da coltivare), nonché con una decisione cosciente di rimanere cacciatori-raccoglitori. Per il resto della popolazione mondiale non c'era però alcun motivo per tornare indietro. Il cambiamento nel pensiero, che permise agli esseri umani di accettare l'agricoltura, nonostante tutti i suoi aspetti negativi, potrebbe essersi verificato nel giro di poche generazioni. Una volta che la memoria collettiva della caccia e raccolta fu sostituita da un'altra implicante la produzione di cibo, sarebbe stato virtualmente impensabile tornare al vecchio modo di vita. Chiedetevi se sareste disposti a costruirvi le vostre armi e a uscire a caccia per procurarvi qualcosa per cena: la maggior parte di noi, probabilmente, risponderebbe di no.

Balbettamenti

L'inizio del Neolitico stabilì molti dei modelli regionali di diversità culturale che vediamo nel mondo moderno. Onde in espansione di migratori agricoli in Asia orientale diffusero la coltivazione del riso in Indonesia e oltre, e oggi i loro discendenti recano ancora le tracce genetiche di tale evento. Come abbiamo visto in precedenza, i primi abitanti dell'Asia sudorientale potrebbero essere stati più simili agli attuali andamanesi o ai *negritos* semang. È probabile che la maggior parte di questi gruppi siano stati inghiottiti dall'ondata di risicoltori in espansione, e che la loro cultura sia stata assorbita nella cultura tradizionale degli agricoltori. Similmente, i gruppi di cacciatori-raccoglitori in Europa, nel doppio con-

tinente americano e in Africa rinunciarono tutti al loro stile di vita paleolitico a favore del nuovo modo di procurarsi cibo. Ma la cultura è definita anche da altro: essa abbraccia tradizioni sociali, indumenti e stili di produzione degli strumenti, mezzi di trasporto e migliaia di altre cose. E uno degli aspetti più importanti della cultura è la lingua.

La maggior parte dei visitatori americani in Gran Bretagna nota presto l'esistenza, nell'inglese parlato, di un gran numero di inflessioni regionali. Se Londra è la prima tappa, l'accento *cockney* è il primo in cui si imbattono. Anche se hanno praticato il loro equivalente di Dick van Dyke (« *Cor blimey, Mary Poppins!* », « Accidenti, Mary Poppins! »), a volte riesce loro difficile credere che si parli la stessa lingua. Mia moglie, che è inglese, prova la stessa difficoltà nel parlare con alcuni miei amici americani del Sud. George Bernard Shaw aveva ragione quando notava che americani e britannici sono due popoli separati da una lingua comune, e non stava nemmeno considerando le variazioni locali all'interno dei due Paesi. Gli accenti sono esempi familiari di variazione linguistica, e la difficoltà che noi possiamo avere nel comprenderci rivela una verità profonda nel processo del cambiamento linguistico. Le lingue non sono entità uniformi, nonostante gli sforzi dell'Académie Française di imporre un ordine al litigioso popolino francese. Come in ogni aspetto della cultura, c'è una grande quantità di variazione da un luogo all'altro. Ma il caos apparente della diversità linguistica rivela qualcosa sulla diffusione delle culture umane?

Somiglianze linguistiche sono state riconosciute fin dall'antichità classica, in particolare fra esempi europei ben studiati come il latino, l'italiano, il francese, lo spagnolo e il greco. Nel Settecento alcuni studiosi avevano cominciato ad adottare un punto di vista più ampio, concentrandosi sulle lingue dell'Asia, dell'Africa e delle Americhe. Per esempio, Jans Sajnovics, nel suo oscuro trattato del 1770 *Demonstratio idioma Ungarorum et Lapponum idem esse* (Dimostrazione che la lingua degli ungheresi e quella dei lapponi sono la

stessa), arrivò alla conclusione fornita nel titolo. Noi oggi sappiamo che tanto l'ungherese quanto il lappone appartengono alla famiglia linguistica uralica, la quale li unisce a lingue più oscure, come il khanty, il nenets e il nganasan. Sajnovics non era però consapevole di queste relazioni più lontane. E se, come molti altri studiosi, riconobbe le somiglianze che uniscono diverse lingue, non riuscì però a spiegare *in che modo* fossero sorte.

Una spiegazione delle somiglianze fra i membri di una famiglia linguistica venne qualche anno dopo lo studio di Sajnovics. In un discorso del 1786 alla Royal Asiatic Society, Sir William Jones – allora giudice in India – notò che il sanscrito (la lingua religiosa dell'Induismo) aveva una strana somiglianza col greco e col latino, « tanto nelle radici dei verbi quanto nelle forme grammaticali, più stretta di come avrebbe potuto prodursi per puro caso », tanto che, com'egli concluse, tali lingue dovevano « essere derivate da una fonte comune ». Proprio questa conclusione sarebbe stata il suo contributo più duraturo, implicando un meccanismo per la generazione della diversità linguistica. Le lingue si modificano nel corso del tempo, disse, e se fra un gruppo di lingue ci sono somiglianze abbastanza profonde, esse devono avere avuto un ascendente comune in passato, a partire dal quale ebbe inizio la divergenza fra loro. Era una spiegazione evoluzionistica della diversità linguistica, che anticipava Darwin di oltre sessant'anni.

Le lingue descritte da Jones appartengono tutte a quella che divenne nota, dalla loro distribuzione geografica, come la famiglia linguistica indoeuropea. Nella famiglia ci sono 140 lingue, a partire da quelle appartenenti al ramo celtico, parlate nelle estreme parti nordoccidentali dell'Europa (ne sono esempi il gaelico e il bretone), fino al singalese, parlato nello Sri Lanka. L'inglese fa parte del ramo germanico delle lingue indoeuropee, anche se in conseguenza della sua storia complessa possiede molte parole derivate dal francese, che insieme all'italiano, allo spagnolo e ad altre lingue, fa parte

della sottofamiglia romanza. È chiaro che l'indoeuropeo è una famiglia linguistica assai diffusa e varia.

Oggi l'ipotesi avanzata da Jones, cioè che tutte le lingue indoeuropee abbiano avuto origine da una lingua madre comune, è ampiamente accettata dai linguisti. Questa è in effetti una delle poche famiglie linguistiche ad avere ricevuto un consenso universale. Questo modello, noto come il modello *genetico* della classificazione delle lingue, implica che a un certo punto in passato ci sia stato un gruppo di persone che parlava una forma ancestrale di indoeuropeo, che si evolse in seguito nelle lingue che esistono oggi. Come nel caso delle nostre ricette di *bouillabaisse*, aggiunte e modifiche di ingredienti produssero varietà linguistiche locali, che infine divennero lingue distinte. I paralleli con l'evoluzione del DNA sembrano chiari. Ma si può imparare qualcosa sulla diversità delle lingue – e capire la presente distribuzione delle lingue del mondo – dallo studio della genetica?

L'argomento del cambiamento linguistico ha sempre suscitato un grande interesse in Luca Cavalli Sforza, specialmente nella sua sovrapposizione con la base genetica. Anziché tracciare comparazioni più o meno vaghe fra genetica e diversità linguistica, nel 1988 Cavalli Sforza decise di verificare direttamente l'ipotesi, in modo simile all'esame compiuto da Dick Lewontin con i dati genetici di razze diverse. Cavalli Sforza e colleghi esaminarono dati genetici di quarantadue popolazioni di tutto il mondo, delineando un albero genealogico dei loro rapporti fondato sulla minimizzazione delle differenze nelle frequenze dei marcatori. L'albero che ne risultò – che era in effetti un albero genealogico delle popolazioni – corrispondeva molto bene alle relazioni linguistiche note. Così, per esempio, le popolazioni che parlavano le lingue indoeuropee tendevano a raggrupparsi insieme nell'albero genetico, così come facevano anche le popolazioni che parlavano le lingue bantu in Africa. C'erano chiare incoerenze, come la netta separazione fra cinesi settentrionali e meridionali (risultante quasi certamente dalla distribu-

zione delle migrazioni più antiche, di cui ci siamo occupati nel capitolo 6), ma nel complesso gruppi genetici e linguistici sembravano molto simili fra loro. Ciò suggeriva che i dati genetici potessero essere usati per studiare l'origine e la dispersione delle lingue.

Cavalli Sforza e colleghi, nel loro studio, sottolinearono due avvertimenti. Il primo era che *non* erano i marcatori genetici che essi stavano studiando a *causare* il modello della diversità linguistica: non c'era alcun gene bantu che costringesse i suoi sfortunati portatori a parlare quelle lingue. Semplicemente, marcatori genetici simili riflettevano invece la storia comune di coloro che parlavano una lingua, illustrandone l'ascendenza biologica. Il secondo era che in molti casi i rapporti suggeriti da geni e lingue non concordavano, mostrando che la corrispondenza non era assoluta. La ragione di questo fatto poteva essere o una sostituzione di lingua – qualora delle persone avessero imparato a parlare una nuova lingua senza che ci fosse stato un significativo afflusso di geni – o una sostituzione di geni – nel caso in cui ci fosse stato un afflusso significativo di nuovi geni, ma la lingua fosse rimasta la stessa. Il primo caso spiegherebbe la differenza esistente fra cinesi han del Nord e del Sud, mentre il secondo potrebbe spiegare la stretta somiglianza genetica esistente fra gruppi che non presentano alcuna somiglianza linguistica, come gli americani nativi che parlano lingue na-dene e le popolazioni vicine che parlano lingue amerindiane. Così, spesso i geni marcarono a volte differenze linguistiche, e altre volte no. In un modo come nell'altro, i dati genetici dovrebbero aiutare a gettar luce sui rapporti linguistici, illuminando il modo in cui le lingue si sono diffuse.

Alla ricerca di una patria d'origine

Se accettiamo la tesi di William Jones, che tutte le lingue indoeuropee discendono da una fonte comune, a un certo

punto nel passato dev'esserci stato un singolo gruppo di persone che parlava questa forma ancestrale di indoeuropeo. La ricerca dell'identità dei primi indoeuropei, e della loro ubicazione geografica, è stata una fra le aree principali della ricerca archeologica e linguistica degli ultimi 200 anni. Essa è diventata una sorta di ricerca del santo Graal, forse anche un po' donchisciottesca. Il tentativo di sbrogliare la rete di prove contrastanti circa la terra d'origine dell'indoeuropeo illustra una nuova applicazione, di particolare interesse, della genetica alla nostra comprensione della storia umana.

Negli anni '20 del Novecento, V. Gordon Childe, a cui si deve l'espressione «rivoluzione del Neolitico», propose l'identificazione della patria d'origine dell'indoeuropeo con quella della cultura sorta a nord del mar Nero, che produsse una caratteristica ceramica «cordata», ossia con segni che ricordano l'impronta di una corda o cordicella. La sua teoria fu ripresa in una serie di articoli pubblicati negli anni '70 dall'archeologa Marija Gimbutas. Questa sostenne che i resti, risalenti a circa 6000 anni fa, lasciati dai cavalieri nomadi delle steppe russe meridionali sono i primi segni di una cultura che può essere identificata come protoindoeuropea (PIE), la quale include anche il popolo della ceramica cordata di Childe. La cultura kurgan, come la chiamò la Gimbutas, lasciò enormi tumuli sepolcrali (noti come *kurgany*), che sono osservabili ancor oggi nell'intera steppa eurasiatica, dall'Ucraina alla Mongolia e a sud fino all'Afghanistan. Nel XX secolo, i tesori riportati in luce dagli scavi nei *kurgany* confermarono l'esistenza di un popolo noto a Erodoto come gli sciti: terribili cavalieri delle steppe asiatiche, in precedenza considerati leggendari da molti studiosi.

La prova che la popolazione kurgan parlasse il protoindoeuropeo si fonda su un'analisi di parole comuni a tutte le lingue indoeuropee. Se si può dimostrare che una parola deriva da una stessa radice, è probabile (anche se non certo) che essa sia stata ereditata da un progenitore comune. Per esempio, la parola inglese *ox* (bue) ha rapporti di affinità

col sanscrito *uksan* e col tocarico *okso* (il tocarico è un'antica lingua indoeuropea parlata nella Cina occidentale). Similmente, molte parole usate per designare animali e piante sono comuni a tutte le lingue indoeuropee, così come quelle utilizzate per utensili e armi. La cosa più interessante è che tutte le lingue hanno in comune un ricco vocabolario per i cavalli e i veicoli a ruote, suggerendo che la popolazione che parlava il protoindoeuropeo avesse addomesticato il cavallo come animale da tiro. Insieme alle prove fornite da resti archeologici che il cavallo fu addomesticato nelle steppe russe meridionali, questi dati linguistici dimostrano che la popolazione che parlava il protoindoeuropeo era la stessa che aveva costruito i *kurgany*.

Ma benché le prove a sostegno dell'identificazione del popolo kurgan con gli antichi protoindoeuropei fossero schiaccianti, non esisteva alcuna prova archeologica della diffusione della loro cultura nell'Europa occidentale. La loro cultura, dominata dai cavalli, era ideale per le steppe, ma non era molto adatta alle foreste e montagne europee. Era difficile vedere perché mai i cavalieri delle steppe avrebbero dovuto conquistare l'Europa e imporre la loro lingua ai suoi abitanti. Per questa ragione Colin Renfrew propose, nel suo libro del 1987 *Archaeology and Language*, che la cultura kurgan non abbia segnato l'origine dell'indoeuropeo, bensì piuttosto una sua posteriore estensione orientale. Renfrew suggerì che il protoindoeuropeo fosse stato una lingua del Medio Oriente, parlata in origine 9000 anni fa, che si diffuse in Europa con l'avanzare dell'ondata agricola. Egli identificò l'Anatolia come patria degli indoeuropei in virtù della sua posizione grosso modo centrale nella moderna distribuzione delle lingue indoeuropee, e anche come la patria di vari esempi estinti. Renfrew avanzò l'ipotesi che i più antichi agricoltori, quando la loro popolazione si espanse, portarono con sé la loro lingua (il protoindoeuropeo), e che l'inondazione linguistica dell'Europa abbia quindi comportato anche un'ondata genetica. Era un suggerimento audace, che trovò

inizialmente poco sostegno nella comunità linguistica. Come abbiamo visto, l'onda del progresso diede in effetti uno scarso contributo al pool genico degli europei moderni, e pare che la sua influenza sia rimasta in gran parte limitata alla regione del Mediterraneo. La popolazione di lingua protoindoeuropea che viveva in Irlanda, per esempio, non aveva virtualmente alcun marcatore neolitico del cromosoma Y, mentre i greci ne avevano una componente consistente. Questo fatto suggerisce che, se fu l'agricoltura a diffondere le lingue indoeuropee in tutt'Europa, deve averlo fatto in gran parte senza una diffusione reale di agricoltori, cosa che riduce la forza dell'argomentazione di Renfrew.

Ovviamente, come suggerisce il nome, le lingue indoeuropee non si parlano solo in Europa. Esse sono parlate da una maggioranza di persone nel moderno Iran, nell'Afghanistan e nel subcontinente indiano. In che modo queste popolazioni sono pervenute a parlare lingue imparentate con il gaelico irlandese, a distanza di migliaia di chilometri? Anche in questo caso ci sono ipotesi contrastanti. La prima, fatta da Childe, dalla Gimbutas e da altri, è che gli antichi cavalieri delle steppe abbiano portato la loro lingua dall'Asia centrale in India, quando la invasero intorno al 1500 a.C. L'antico testo religioso indiano *Rigveda* registra la conquista dell'India da parte di guerrieri a cavallo provenienti dal nord. Questo fatto trovò conferma negli anni '20 del Novecento, quando Sir John Marshall e colleghi scavarono a Mohenjo Daro e Harappa, nella valle dell'Indo. Queste grandi città furono fondate intorno al 3500 a.C., e nel II millennio a.C. erano grandi insediamenti con migliaia di case, un'estesa agricoltura e una popolazione enorme. Poi, intorno al 1500 a.C., entrarono in un periodo di declino, e nel 1000 d.C. la cultura di Harappa era già dissolta e le sue città abbandonate. Che cosa causò quest'improvviso collasso culturale? Agli archeologi parve che ci fosse una perfetta correlazione con l'invasione di una forza ariana dalle steppe. L'archeologia parve quindi

corroborare l'argomentazione di Childe, e confermare la testimonianza del *Rigveda*.

Ricerche più recenti hanno suggerito che il crollo della civiltà di Harappa abbia avuto probabilmente cause endogene. Forse un fiume cambiò il suo corso, oppure era già cominciata la decadenza sociale (si pensi a quanto sarebbe accaduto a Roma duemila anni dopo). Quale che ne sia stata la causa, gli ariani invasori non furono necessariamente quei conquistatori onnipotenti che ipotizzarono i primi archeologi. Nella scia di questa reinterpretazione, Renfrew suggerì due modelli su come le lingue indoeuropee potrebbero essere giunte in India.

Il primo modello è quello di una migrazione dal Medio Oriente avvenuta all'inizio del Neolitico, nella quale i gruppi umani in movimento portarono con sé la loro lingua protoindoeuropea. In questo modello, gli abitanti di Harappa dovevano essere già indoeuropei, e non ci sarebbe quindi bisogno di inferire un'invasione ariana in India per spiegare le lingue del subcontinente. Il secondo modello, che concede una maggiore credibilità al *Rigveda*, accetta che ci sia stata un'invasione della regione dell'Indo da parte di nomadi provenienti dall'Asia centrale che parlavano una lingua indoeuropea, ma che essa sia stata compiuta solo da un numero relativamente piccolo di individui. Essa avrebbe perciò esercitato un impatto relativamente piccolo sulla popolazione del subcontinente, a parte l'imposizione di una lingua e di una cultura. In entrambi i casi, i dati genetici indiani rivelano un contributo minore dalle steppe del nord.

Per poter verificare le ipotesi di Childe-Gimbutas e di Renfrew si dovette attendere lo sviluppo di marcatori in grado di distinguere fra le popolazioni delle steppe e il pool genico indiano indigeno. Come abbiamo visto nel capitolo 6, il marcatore M20 definisce la prima importante ondata migratoria dal Medio Oriente in India, intorno a 30.000 anni fa. Le sue tracce si trovano con la massima frequenza nelle popolazioni del Sud, che parlano lingue dravidiche: una fa-

miglia linguistica completamente separata dall'indoeuropeo. In alcune popolazioni meridionali l'M20 raggiunge una frequenza di più del 50 per cento, mentre si trova solo sporadicamente fuori dell'India. Esso è perciò, ai nostri fini, un marcatore indiano indigeno. Quel che occorreva per completare l'analisi era un marcatore delle steppe, per vedere quale contributo potesse avere dato alla diversità genetica presente in India.

Questo risultato fu conseguito con la scoperta di un marcatore noto come M17, che è presente con una frequenza elevata (oltre il 40 per cento) dalla Repubblica Ceca alle montagne dell'Altai in Siberia, e a sud fino all'intera Asia centrale. Metodi di datazione assoluti suggeriscono che questo marcatore sia comparso fra 10.000 e 15.000 anni fa, e la diversità microsatellitare, massima nella Russia meridionale e in Ucraina, induce a pensare che possa avere avuto origine lì. L'M17 è un discendente dell'M173, cosa che si concilia con una provenienza europea. Origine, distribuzione ed età dell'M17 fanno considerare molto plausibile che esso sia stato diffuso dalla popolazione kurgan nel corso della sua espansione nelle steppe eurasiatiche. La chiave per la soluzione del nostro puzzle linguistico consiste nel vedere come questo marcatore si presenti in India e nel Medio Oriente.

È stato accertato che in India esso si trova con un'alta frequenza nei gruppi che parlano lingue indoeuropee. Nella popolazione di lingua hindi a Delhi, per esempio, il 35 per cento circa degli uomini ha questo marcatore. Frequenze similmente elevate presentano i gruppi di lingua indoeuropea provenienti dal sud, mentre i loro vicini che parlano lingue dravidiche posseggono l'M17 con frequenze molto meno elevate, del 10 per cento o anche meno. Questo fatto suggerisce fortemente che l'M17 sia un marcatore indoeuropeo, e mostra che negli ultimi 10.000 anni c'è stato in India un massiccio afflusso genetico dalle steppe. Se consideriamo questa prospettiva congiuntamente ai dati archeologici, possiamo dire che la vecchia ipotesi di un'invasione

di popolazioni – e non solo della loro lingua – dalle steppe appare vera.

E che dire del Medio Oriente? Una cosa interessante è che l'M17 non vi si trova con una frequenza elevata, essendo presente solo nel 5-10 per cento degli individui di sesso maschile. Ciò vale persino per la popolazione dell'Iran di lingua persiana (*farsi*), una fra le principali lingue indoeuropee. La parte della popolazione che vive nell'Iran occidentale ha basse frequenze dell'M17, mentre quella che vive più a est ha frequenze più simili a quelle dell'India. Fra le due parti del Paese, come abbiamo visto nel capitolo 6, si estende un tratto di deserto inospitale. I risultati suggeriscono che i grandi deserti iraniani abbiano frapposto barriere al movimento degli indoeuropei, così come, in precedenza, alla migrazione della fine del Paleolitico Superiore.

I risultati degli studi sul cromosoma Y in Iran e nel Medio Oriente suggeriscono anche che non siano stati gli antichi agricoltori mediorientali a diffondere verso est le lingue indoeuropee quando migrarono nella valle dell'Indo. Il marcatore M172, associato alla diffusione dell'agricoltura, si trova in tutta l'India, in accordo con una precoce introduzione dal Medio Oriente, per lo più durante il Neolitico. La sua frequenza è però press'a poco la stessa in popolazioni che parlano lingue indoeuropee e lingue dravidiche, cosa che induce a pensare che l'introduzione dell'agricoltura abbia preceduto quella delle lingue indoeuropee. Pensando in riferimento a comportamenti reali, molti discendenti indiani di agricoltori del Neolitico avrebbero imparato a parlare lingue indoeuropee, mentre un numero minore di uomini di lingua indoeuropea, portatori del marcatore M17, avrebbe rinunciato alla propria lingua a favore del dravidico.

La bassa frequenza del marcatore M17 nell'Iran occidentale suggerisce che, in questo caso, si sia verificato proprio il tipo di scenario considerato da Renfrew nel suo secondo modello. È probabile che piccoli gruppi di invasori di lingua indoeuropea siano stati in grado di imporre la loro lingua a

una popolazione iranica indigena, per mezzo di un processo chiamato da Renfrew *dominanza delle élite*. In questo modello, qualcosa – sia esso un potere militare o economico, o forse una capacità organizzativa – permise agli indoeuropei delle steppe di conseguire un'egemonia culturale sulle antiche civiltà dell'Iran occidentale. Un tale « qualcosa » potrebbe essere stato l'uso di cavalli in guerra, per trainare carri o per trasportare cavalieri. Cavalleria e carri – due invenzioni dei popoli delle steppe – devono aver dato agli antichi indoeuropei nomadi un deciso vantaggio sulle truppe a piedi dei loro avversari. L'uso dei cavalli avrebbe fornito un vantaggio tecnico importante alle forze che li possedettero nei successivi tre millenni. Non è difficile immaginare che debba aver conferito un tale vantaggio anche ai popoli delle steppe eurasiatiche.

Così, mentre troviamo consistenti prove genetiche e archeologiche a favore di una migrazione indoeuropea che prese l'avvio dalle steppe della Russia meridionale, esistono ben poche prove di una migrazione altrettanto grande di indoeuropei dal Medio Oriente all'Europa. Una possibilità è che, come in una migrazione molto anteriore (di 8000 anni fa, rispetto a una di 4000), i segnali genetici portati da agricoltori che parlavano una lingua indoeuropea possano essersi semplicemente dispersi nel corso degli anni. C'è chiaramente *qualche* prova genetica di una migrazione dal Medio Oriente, come hanno mostrato Cavalli Sforza e colleghi, ma il segnale non è abbastanza forte per permetterci di tracciare la distribuzione delle linee evolutive del Neolitico nell'intera Europa occupata da popolazioni di lingua indoeuropea. Cavalli Sforza ha formulato l'ipotesi che una migrazione iniziale di gruppi umani del Neolitico – di lingua pre-PIE – provenienti dal Medio Oriente possa avere introdotto in Europa, anche nella popolazione kurgan, una lingua che in seguito divenne il protoindoeuropeo. Non c'è nulla che contraddica questo modello, anche se non forniscono un chiaro sostegno neppure le distribuzioni dei marcatori genetici.

C'è un'altra possibilità, derivante dalla distribuzione di varie lingue estinte, e dai loro rapporti reciproci, nel Medio Oriente e in Europa. E se la lingua dei primi agricoltori non fosse stata l'indoeuropeo, bensì una lingua del tutto diversa? I baschi, che vivono nella Spagna nordorientale, parlano una lingua che non presenta affinità con alcun'altra lingua del mondo. Jared Diamond, nel *Terzo scimpanzé. Ascesa e caduta del primate Homo sapiens*, suggerì che esso potrebbe essere un residuo dell'onda del progresso legata alla diffusione dell'agricoltura dal Medio Oriente. È interessante il fatto che alcuni linguisti abbiano in realtà intravisto una connessione fra il basco e le lingue parlate nel Caucaso, mentre altri hanno trovato somiglianze col burushaski, una lingua isolata parlata in una regione remota del Pakistan. Similmente, c'erano altre lingue oggi estinte parlate nell'intero mondo mediterraneo, nel sud della Spagna (il tartessiano e l'iberico), in Italia (l'etrusco e il lemniano[2]) e in Sardegna (dove troviamo una fonte non indoeuropea per molti toponomastici). Anche in Francia molti nomi di luoghi suggeriscono che il basco sia stato in passato molto più diffuso di quanto non sia oggi, e anche in Grecia certi toponomastici indicano la presenza di un elemento preindoeuropeo. Nel complesso, ci sono prove ragionevoli a sostegno di una collezione «mediterranea» di lingue preindoeuropee che furono in seguito soppiantate dall'espansione del greco e del latino.

Abbiamo dunque un insieme di lingue, un tempo diffuse nel Mediterraneo e in Medio Oriente, che si estesero verso est fino al Pakistan. Questo è esattamente il territorio colonizzato dagli agricoltori dell'inizio del Neolitico, nel periodo compreso fra 10.000 e 7000 anni fa. Una possibilità è che queste antiche popolazioni di agricoltori, espandendosi, abbiano diffuso le lingue mediterranee. Le popolazioni paleolitiche dell'Europa adottarono gli idiomi degli agricoltori e la loro cultura, anche se (come nel caso dei baschi) difficilmente ci fu un qualche apporto genetico. Queste lingue si diffusero anche a est, introducendo l'agricoltura nelle valli

dei fiumi dell'Asia centrale e del Pakistan. Migrazioni posteriori, di popolazioni di lingua dravidica, e di lingue indoeuropee nel caso dell'Europa, avrebbero ridotto le popolazioni che parlavano lingue mediterranee alle sacche isolate che troviamo oggi.

Questo scenario è ovviamente del tutto speculativo, ma potrebbe essere un'alternativa plausibile agli agricoltori indoeuropei di Renfrew e agli agricoltori pre-PIE di Cavalli Sforza. Inoltre i dati genetici mostrano qualche correlazione: la maggior parte delle regioni menzionate, dal Mediterraneo al Caucaso, al Pakistan, presenta frequenze consistenti del marcatore M172, il nostro marcatore neolitico canonico. Ciò vale particolarmente per le popolazioni del Caucaso, alcune delle quali hanno frequenze di tale marcatore che superano il 90 per cento. La base genetica, in generale molto vicina, fra le popolazioni caucasiche e quelle del Medio Oriente, suggerisce che durante il Neolitico ci sia stato un afflusso consistente di popolazioni, che potrebbe avere introdotto nella regione lingue affini al sumerico. Ovviamente questo scenario presuppone che esista una relazione fra tutte le lingue del Mediterraneo, possibilità piuttosto tenue anche nella migliore delle ipotesi. Alcuni linguisti hanno però trovato prove dell'esistenza di una tale «superfamiglia» linguistica, le quali rivelerebbero strutture profonde comuni a lingue apparentemente non connesse fra loro. La ricerca di queste superfamiglie sarà ora il nostro prossimo obiettivo.

Il grande quadro

Charles Darwin, pur scrivendo in un'epoca in cui non erano ancora stati compiutamente sviluppati i metodi moderni di classificazione delle lingue, notò tuttavia la somiglianza esistente fra classificazioni fondate sulla genealogia e classificazioni fondate sulla linguistica. Nell'*Origine delle specie*, notò che, «se possedessimo una perfetta genealogia dell'umanità,

una disposizione genealogica delle razze dell'uomo offrirebbe la migliore classificazione delle varie lingue che oggi si parlano nel mondo ».[3] Cavalli Sforza ha detto che nel 1988, quando iniziò il suo confronto fra relazioni genetiche e linguistiche, non aveva presente l'ipotesi di Darwin, e che la sua attenzione fu in seguito richiamata su di essa da un collega che studiava storia della scienza. Non occorre, forse, un grande salto di fede per rendersi conto che le lingue tendono a presentare le stesse relazioni delle popolazioni. Dopotutto, noi « ereditiamo » la nostra lingua dai nostri genitori, e quindi, almeno nella scala cronologica del passato recente, la genealogia delle lingue dovrebbe riprodurre abbastanza bene quella dei geni. Che cosa accade, però, quando consideriamo un passato più lontano? Esiste una relazione più profonda fra lingue che le unisca in gruppi maggiori? E, cosa forse più importante, esiste una qualche prova di un equivalente linguistico del nostro Adamo o della nostra Eva genetici?

Joseph Greenberg, che abbiamo già incontrato nel capitolo 7, era convinto che tali relazioni più profonde fossero effettivamente esistite. Egli si fece un nome nel campo della classificazione delle lingue ordinando le centinaia di idiomi africani in quattro famiglie distinte, da lui descritte nel suo libro del 1963 *The Languages of Africa*. Questo primo tentativo di classificazione di ordine superiore fu in generale ben accolto dalla comunità linguistica, e il suo successo incoraggiò Greenberg a cominciare a considerare in via provvisoria rapporti più profondi fra le lingue, in particolare quelle dell'Eurasia.

Egli trovò che molte di tali lingue, fra cui quelle appartenenti alla famiglia indoeuropea, sembravano condividere certi elementi strutturali che apparivano troppo sorprendenti per essere dovuti semplicemente al caso. I dettagli sembrano banali a non specialisti (per esempio la formazione del plurale di un nome per mezzo di un suffisso *-k* o *-t*), ma sono rilevanti per molti linguisti. Merritt Ruhlen, nel libro *The Origin of Language*, ricalca molte delle somiglianze già evi-

denziate da Greenberg all'interno della cosiddetta famiglia eurasiatica, chiamata « nostratico » da alcuni specialisti.

Una delle prime domande che potremmo porci su questo gruppo di lingue è se, come nel caso dell'indoeuropeo, ci sia qualche prova archeologica o genetica a suo sostegno. Purtroppo non pare che sia così. Un problema è che i suoi membri sono così diffusi su gran parte dell'Eurasia che il nostratico abbraccia un numero immenso di popolazioni distinte. Ciò si deve forse all'età stimata della famiglia, che potrebbe avere più di 20.000 anni. Qualsiasi correlazione con un gruppo di lingue così antico e diffuso è nella migliore delle ipotesi tenue, e l'unico marcatore ovvio del cromosoma Y sarebbe l'M9. Questo, però, si trova anche nell'altra superfamiglia di lingue eurasiatica, nota come dene-caucasica.

Il primo gruppo in questa superfamiglia è quello delle lingue americane na-dene (come il navajo) e del sino-tibetano, le lingue della Cina e del Tibet. Oggi molti linguisti accettano l'esistenza di una relazione fra queste due famiglie linguistiche, ma le relazioni più lontane sono molto più controverse. Questo perché il gruppo dene-caucasico comprende anche, come suggerisce il nome, lingue del Caucaso, come pure il basco e il burushaski. Per mettere tutto questo in prospettiva, le lingue appartenenti al gruppo dene-caucasico vengono parlate dai Pirenei alle Montagne Rocciose, con chiazze isolate disseminate attraverso l'Eurasia: un gruppo quanto meno piuttosto disparato. Anche per questo il linguista americano John Bengtson ha identificato all'interno del gruppo dene-caucasico un sottogruppo comprendente il basco, il caucasico, il burushaski e l'estinta lingua sumerica. La sovrapposizione con la nostra ipotetica famiglia « mediterranea » è sorprendente e (come abbiamo già visto) esiste qualche prova genetica a conferma della dispersione di questo gruppo di lingue durante gli ultimi 10.000 anni, forse in associazione con l'agricoltura. L'inclusione del sumerico in questo gruppo è particolarmente eloquente, dato che questa lingua – parlata da una delle più antiche civiltà mesopotami-

che – ha connessioni geografiche e culturali che la legano ai primissimi tempi dell'agricoltura nella Fertile mezzaluna.

Benché i dati genetici confermino la nozione di connessioni etniche fra alcuni membri occidentali della famiglia dene-caucasica, non esiste alcun chiaro legame fra loro e le lingue orientali. Queste lingue, la famiglia sino-tibetana e la famiglia na-dene, hanno tuttavia una loro connessione genetica. Questa si presenta nella forma del marcatore M130, in cui ci siamo già imbattuti ricostruendo la migrazione costiera che portò per la prima volta l'uomo in Australia. Come abbiamo visto nel capitolo 7, l'M130 si trova anche nelle popolazioni dell'Asia orientale, compresa la Cina, segnando un'espansione verso nord di questo marcatore a partire dall'Asia sudorientale. Cosa interessante, questo marcatore appare anche nelle popolazioni di lingua na-dene nel Nordamerica, mentre non si trova in Sudamerica, dove non esistono neppure queste lingue. Questo fatto suggerisce l'esistenza di una connessione genetica unica fra le popolazioni dell'Asia orientale e alcune tribù americane native, derivate da una seconda migrazione nelle Americhe fra 5000 e 10.000 anni fa. In questo caso la genetica rafforza la connessione linguistica e fornisce una data, per quanto approssimativa, per la divergenza.

Il loro successo nell'identificare caratteri comuni in lingue separate da decine di migliaia di anni ha indotto alcuni linguisti a immergersi ancora più a fondo negli abissi della storia linguistica, alla ricerca delle relazioni più profonde: un'origine comune per tutte le lingue. Uno dei sostenitori più energici di questa tesi, Merritt Ruhlen, crede che la famiglia dene-caucasica segni la diffusione più antica degli esseri umani moderni dall'Africa, mentre la famiglia eurasiatica corrisponderebbe a un'espansione posteriore emanante dal Medio Oriente. Come abbiamo visto, non esistono dati genetici chiari a sostegno di questo modello. Un'alternativa è che queste famiglie si diffondano, almeno in parte, per disseminazione culturale, senza lasciare tracce genetiche ben de-

finite, com'è accaduto per esempio nel caso di alcuni rami dell'indoeuropeo. L'altra possibilità è che la famiglia eurasiatica e la famiglia dene-caucasica in realtà non esistano: esse sarebbero, semplicemente, collezioni di lingue prive di alcun rapporto fra loro, le quali presenterebbero solo somiglianze casuali. O forse esistono sottogruppi, fa cui quelli corroborati da dati genetici (come il sino-tibetano e il na-dene), mentre molte delle lingue sono prive di alcuna relazione fra loro. Ruhlen ha chiaramente progettato la sua ricerca a sostegno della sua tesi.

È probabile che l'evoluzione delle lingue abbia seguito le stesse vie delle migrazioni degli esseri umani moderni, con la loro origine in Africa e la successiva dispersione negli angoli più lontani del globo. Quest'affermazione si fonda però solo su prove indiziarie: l'universalità del fenomeno linguistico in tutte le popolazioni umane, l'estrapolazione da mutamenti linguistici a breve termine in famiglie riconosciute come l'indoeuropeo, e la supposta importanza del linguaggio per lo sviluppo della cultura umana moderna. Quasi tutti i segnali della lingua umana originaria – se è mai esistita – sono andati perduti, lasciandoci con la nostra attuale dispersione babelica delle lingue. Come l'inglese si è frammentato in un gran numero di dialetti che sono diventati sempre più diversi fra loro nel corso degli ultimi 500 anni, così nel corso del tempo tutte le lingue si sono sempre più differenziate fra loro, tanto che infine si è persa anche ogni prova della loro origine comune. Non è chiaro quanto tempo richieda tutto questo. Alcuni linguisti pensano che 6000 anni siano un tempo abbastanza lungo, mentre Ruhlen e altri sostengono di avere trovato somiglianze risalenti a più di 20.000 anni fa. La ricerca della lingua di Adamo ed Eva promette di essere nei prossimi anni un campo ricco di controversie e di scoperte esaltanti, e la genetica dovrebbe offrire qualche contributo.

Un avvertimento

La diffusione delle lingue è un caso speciale di propagazione, o mutamento, culturale. Purtroppo il tentativo di identificare il mutamento culturale con la migrazione di popolazioni sembra oggi, in molti ambienti archeologici, un modo antiquato di vedere le cose. Gli archeologi moderni tendono piuttosto a sottolineare ragioni indigene per lo sviluppo di attributi culturali, o per la loro derivazione da altre culture. La vecchia scuola del diffusionismo, che tentava di ricondurre l'espansione di particolari culture a un singolo luogo d'origine, non gode più di grande favore. I risultati genetici mostrano però che, in alcuni casi, il fenomeno della diffusione è reale. Quando si riscontra una sovrapposizione di modelli genetici e culturali, come nel caso delle lingue dene-caucasiche, è probabile che ci sia stata un'antica espansione di popoli che portarono con sé la propria cultura. È però del tutto possibile anche l'espansione di una cultura senza un concomitante movimento di persone. È quanto potrebbe essere accaduto quando l'agricoltura fece il suo ingresso nell'Europa nordoccidentale.

In quanto genetisti, siamo limitati dalla nostra professione. Anche se, nelle nostre interpretazioni, teniamo conto della storia, dell'archeologia e delle lingue, il nostro contributo più importante è legato alla nostra capacità di ricostruire genealogie: vere relazioni biologiche. Così, possiamo trovare prove per confermare migrazioni umane, come nel caso dell'M17 e della cultura delle steppe, come anche per confutarle. Le lingue sono buoni attributi culturali da studiare, dato che spesso possediamo documenti scritti. Le relazioni fra lingue possono essere esaminate sistematicamente persino quando non ci siano tali documenti. La maggior parte dei processi culturali non sono simili a questo, cosa che rende più difficile la loro interpretazione.

Secondo un concetto di razza rimasto popolare sino alla metà del XX secolo, la differenza del colore della pelle in po-

poli di tutto il mondo rifletteva profonde differenze biologiche. Di quest'opinione era Carleton Coon, che si servì di questo argomento (come anche della forma del cranio e di alcuni altri caratteri) per suddividere gli esseri umani in unità distinte. Come ha sottolineato l'antropologo Jonathon Marks, le classificazioni anteriori avevano usato anche attributi culturali nel quadro delle loro definizioni razziali. Linneo, per esempio, nel descrivere la sottospecie americana dell'*Homo sapiens*, aveva scritto « ostinato, soddisfatto, libero; si dipinge con linee rosse ». È chiaro che una definizione del genere non aveva alcuna base biologica, altrimenti oggi ogni americano nativo sarebbe geneticamente costretto a dipingersi la faccia. Quest'arcaica confusione fra razza e cultura ha avuto conseguenze terribili, particolarmente al culmine dell'eugenica. Come però abbiamo visto nel caso della diffusione delle lingue, a volte fra cultura e genetica esistono delle correlazioni. Gli eugenisti all'antica possono aver visto in ciò la prova che gli attributi culturali devono avere una *causa* genetica, ma in realtà – come dimostrano ricerche recenti – è probabilmente vero l'opposto.

Politica sessuale

I karen della Thailandia settentrionale e della Birmania non sono forse altrettanto noti dei loro vicini padaung, che usano anelli di ottone per allungarsi il collo, ma sono ugualmente affascinanti per gli etnografi. Questo perché il loro sistema sociale è in contrasto con il modello comune nella grande maggioranza del mondo. Più del 70 per cento delle società di tutto il mondo pratica il sistema « patrilocale ». In questo tipo di società sono gli uomini a controllare la ricchezza. L'eredità – e l'appartenenza al gruppo – si trasmette per linea maschile. Quando due persone si sposano, la moglie va a vivere col marito e assume una nuova identità nel suo clan. L'uso europeo per cui la moglie prende il cognome del ma-

rito, rinunciando al proprio, trae origine da questo tipo di comportamento patrilocale.

Uno degli effetti del comportamento patrilocale è che gli uomini tendono a rimanere in un luogo, mentre le donne cambiano costantemente di famiglia o di clan. La cosa può sembrare controintuitiva – dopotutto gli uomini non si danno da fare sessualmente più delle donne? –, ma è la regola nella maggior parte delle società. I karen, di contro, si comportano in modo diverso. Nella loro società è tutto capovolto. Sono le donne a controllare la ricchezza, e l'identità di gruppo passa da loro alle figlie. In occasione del matrimonio il maschio si trasferisce nel villaggio della donna, prendendosi cura dei suoi campi. Questo tipo di società è « matrilocale », nel senso che sono le donne a rimanere nel loro villaggio e gli uomini a spostarsi. Benché i karen possano sembrare una semplice curiosità etnografica, in realtà hanno avuto una grande importanza nel rivelare l'effetto della cultura sulla diversità genetica umana. Come un esperimento deliberato, essi forniscono un contrasto sociale rispetto al modello dominante nella popolazione umana di tutto il mondo.

Noi abbiamo usato il cromosoma Y per la maggior parte dei nostri studi sulle migrazioni umane, in quanto esso mostra differenze di frequenza fra popolazioni maggiori di quelle presentate da altri marcatori genetici. Come ha mostrato l'analisi di Dick Lewontin, la maggior parte della diversità genetica nella specie umana si trova all'interno di popolazioni, le quali si distinguono invece fra loro solo per una piccola frazione, del 10-15 per cento. Nel caso del cromosoma Y, il 30-40 per cento della diversità si trova invece fra popolazioni. Un maggiore contrasto genetico fornisce una migliore risoluzione: ecco perché il cromosoma Y è così utile per ricostruire migrazioni.

Quando si studiò per la prima volta il cromosoma Y come marcatore dell'affinità fra popolazioni, uno dei risultati che continuavano a saltar fuori era il fatto che esso collegava una popolazione a un luogo particolare. L'uso di qualche poli-

morfismo del DNA permetteva di ottenere una risoluzione geografica incredibile: c'erano persino polimorfismi del cromosoma Y limitati a particolari villaggi. Se si immagina la genetica di popolazioni come un « gioco delle venti domande », la maggior parte dei sistemi genetici, compresi i gruppi sanguigni e il DNA mitocondriale, hanno bisogno delle risposte a tutt'e venti le domande per identificare anche la configurazione più generica, come per esempio da quale continente sia venuto un individuo. Di contro, il cromosoma Y permette di solito di identificare regioni subcontinentali facendo solo poche domande. Le linee genealogiche di questo cromosoma risultavano quindi essere geograficamente localizzate: esse tendevano a definire le persone come provenienti da un determinato luogo. Lo strumento era fantastico per lo studio di movimenti di popolazioni, ma la spiegazione della distribuzione geografica restava elusiva.

Nel 1998 Mark Seielstad, che stava lavorando per la tesi di dottorato sotto la direzione di Cavalli Sforza e di Dick Lewontin, pubblicò un articolo che proponeva una soluzione del mistero Y. Seielstad studiò i marcatori del cromosoma Y in quattordici popolazioni africane, trovando che la frazione della variazione fra popolazioni in funzione della distanza geografica era molto maggiore di quanto non si osservasse per altri marcatori genetici. In un campione di popolazioni europee, la divergenza fra popolazioni in funzione della distanza geografica aumentava per il cromosoma Y molto più rapidamente che per altri sistemi genetici, come il DNA mitocondriale. L'interpretazione data da Seielstad di questi due tipi di variazione fu che le donne si muovevano più degli uomini, disperdendo il loro DNA mitocondriale fra popolazioni vicine, e producendo in tal modo una distribuzione dell'mtDNA relativamente omogenea. Gli uomini, invece, rimanevano nel loro viliaggio, e il loro cromosoma Y divergeva indipendentemente nelle diverse popolazioni. Questa scoperta indusse Cavalli Sforza a celiare che Verdi aveva avuto ragione scrivendo che « la donna è mobile ».

L'articolo di Seielstad suscitò molto interesse, attraendo addirittura l'attenzione di femministe come Gloria Steinem, che ne richiese una copia. Esso sembrava minare l'antica nozione dei dongiovanni peripatetici che vagavano per il globo, disseminando il loro seme e producendo nuove linee genealogiche del cromosoma Y. Ciò di cui le femministe non tenevano conto era che la situazione evidenziata da Seielstad rafforzava in realtà la nozione che le donne danno un contributo relativamente minore all'identità di gruppo. In una società patrilocale, dove è tuo padre a darti la tua affiliazione di famiglia o di clan, e a lasciarti la tua eredità, fa poca differenza sapere chi è tua madre. Quel che Seielstad aveva trovato era che la cultura umana ha avuto un effetto importante sulle modalità della variazione genetica nella nostra specie. Semplici decisioni locali sul matrimonio e la proprietà, sommate su centinaia di generazioni, avevano prodotto differenze profonde nella modalità della variazione genetica dal lato maschile e femminile. Le caste indù mostrano chiare prove in proposito, con una divergenza del cromosoma Y fra le caste molto maggiore di quella del DNA mitocondriale, suggerendo che le donne potessero muoversi fra le caste, mentre gli uomini erano bloccati al loro interno.

Il vero test di questa teoria, come sottolineò Seielstad, consisteva nell'esaminare il tipo di variazione nelle società matrilocali. La predizione era che queste avrebbero presentato una maggiore divergenza per il DNA mitocondriale, mentre le linee genealogiche del cromosoma Y avrebbero presentato una tendenza a omogeneizzarsi. Questo test fu finalmente eseguito nel 2001, quando Mark Stoneking e colleghi pubblicarono uno studio sui karen, oltre che su un campione di tribù patrilocali thai della stessa area. Essi confermarono il modello predetto da Seielstad: una prova forte a favore della tesi che la patrilocalità aveva prodotto il raggruppamento geografico nella variazione del cromosoma Y che si osserva nella maggior parte delle società umane.

Benché questo studio aiutasse a spiegare la localizzazione

delle linee evolutive del cromosoma Y, si lasciò sfuggire il senso di un'altra strana osservazione. Come abbiamo visto nel capitolo 3, il tempo di coalescenza delle linee evolutive – ossia il tempo trascorso a partire dai nostri comuni progenitori Adamo ed Eva – è molto più recente per il cromosoma Y che non per il DNA mitocondriale. La patrilocalità può spiegare l'alto grado di divergenza di Y fra popolazioni, ma il tempo generale di coalescenza dovrebbe essere lo stesso per il cromosoma Y e per il DNA mitocondriale. In effetti l'albero genealogico di Y dovrebbe essere ramificato in molte popolazioni decisamente divergenti, derivanti tutte da un singolo uomo africano vissuto intorno a 150.000 anni fa. Noi vediamo invece molte popolazioni alquanto divergenti, le quali sembrano convergere tutte, a ritroso, in un progenitore comune recente non appena si arriva in Africa: i dati indicano un Adamo africano vissuto solo qualche migliaio di anni prima che gli esseri umani cominciassero a lasciare il continente. I risultati suggeriscono che fosse all'opera un altro fattore.

La rapidità della deriva genetica, ossia dei mutamenti casuali nella frequenza dei marcatori, dipende, come abbiamo visto in precedenza, dall'effettiva grandezza di una popolazione. In grandi popolazioni la deriva è trascurabile, mentre in piccole popolazioni i suoi effetti sono significativi. In gruppi umani minimi, come quello dei primi immigrati dalla Beringia che colonizzarono le Americhe, le piccole dimensioni di una popolazione possono condurre a linee evolutive in grado di raggiungere frequenze del 100 per cento in un periodo di tempo molto breve. Questa è la spiegazione del perché gli americani nativi sono quasi uniformemente del gruppo sanguigno 0 (zero): i tipi A e B sono andati perduti durante il loro viaggio attraverso la Siberia nell'epoca glaciale.

Si può usare lo stesso ragionamento per spiegare le date recenti che otteniamo per il nostro progenitore comune in relazione al cromosoma Y. Se in una popolazione ci sono

meno uomini che donne, le linee genealogiche di Y si perderanno con una rapidità ancora maggiore. Ma non può essere vero, potreste dire, visto che il rapporto delle nascite è press'a poco di 50: 50. Non è forse vero che in ogni popolazione c'è lo stesso numero di uomini e di donne? Sorprendentemente, benché ciò possa essere vero in termini numerici, non vale per il numero di coloro che trasmettono i loro geni lasciando figli. In senso genetico chi non si riproduce non conta, e dovrebbe essere escluso dall'equazione. Quel che ci interessa, quindi, è la cosiddetta grandezza *efficace* della popolazione: il numero degli uomini e delle donne che si riproducono. È qui che troviamo la differenza.

La spiegazione probabile del perché si perdono più velocemente le linee evolutive del cromosoma maschile Y sta nel fatto che l'attività di riproduzione viene monopolizzata da un piccolo numero di uomini. Inoltre, anche i loro figli – che ne ereditano la ricchezza e la posizione sociale – tendono a monopolizzare la riproduzione nella generazione seguente. Questa bizzarria sociale, portata avanti per varie generazioni, produrrà esattamente il tipo di distribuzione che osserviamo per il cromosoma Y: poche linee evolutive all'interno di popolazioni, e linee evolutive diverse in popolazioni vicine. Essa produrrà anche un tempo di coalescenza molto recente per il cromosoma Y, dal momento che le linee evolutive che ci avrebbero permesso di risalire a un Adamo vissuto 150.000 anni fa andarono perse quando i nostri progenitori stavano ancora vivendo in Africa. La dimostrazione definitiva di questa ipotesi verrà solo da studi accurati di società tradizionali, dove gli stessi modelli sociali sono stati praticati per centinaia o migliaia di anni, ma io prevedo che sarà confermata dai dati. Come nel caso della ricerca della lingua di Adamo ed Eva, lo studio degli effetti della cultura sulla variazione genetica umana promette di essere uno dei più entusiasmanti settori di ricerca in antropologia nei prossimi decenni. Purtroppo, può darsi che noi stiamo correndo contro il tempo, come vedremo nel prossimo capitolo.

Ritorno al mare

Abbiamo visto come la cultura, dallo sviluppo dell'agricoltura agli usi matrimoniali locali, abbia avuto un effetto sulla diversità genetica umana. A questo punto siamo pronti a riconsiderare gli hawaiiani « scoperti » dal capitano Cook verso la fine del Settecento. Da dove venivano, e perché avevano conquistato il Pacifico negli ultimi millenni?

La prima domanda che possiamo porci è se ci sia, fra le lingue polinesiane, una relazione linguistica che suggerisca una popolazione madre. La risposta è sì. Benché Thor Heyerdahl propendesse per un'origine sudamericana dei polinesiani, le loro lingue risultano essere più strettamente imparentate con quelle dell'Asia sudorientale. Già nell'Ottocento alcuni studiosi avevano collegato le lingue polinesiane con quelle parlate a Taiwan (allora Formosa) e in Malaysia. Oggi Taiwan è abitata da cinesi che parlano lingue e dialetti han, ma prima del Seicento vi vivevano gruppi di aborigeni che parlavano lingue completamente diverse. Tutte quelle lingue erano unite in una famiglia, malese-polinesiana, che all'inizio del Novecento divenne nota come austronesiana. Ci sono quindi chiari dati linguistici che collegano le Hawaii all'Asia più che alle Americhe.

La sovrapposizione fra le lingue austronesiane e la diffusione dell'agricoltura nell'Asia orientale sono sorprendenti, e la teoria che ne emerse per il popolamento della Polinesia è che gli agricoltori che avevano portato a perfezione l'arte della navigazione saltarono semplicemente da un'isola all'altra per tutta l'Asia sudorientale puntando infine verso l'oceano aperto. Il modello del « treno espresso », come divenne noto, prediceva una stretta connessione genetica fra gli aborigeni di Taiwan e i polinesiani. Il DNA mitocondriale parve confermare questo modello, anche se la sua risoluzione – come abbiamo visto altrove – è spesso limitata. Risultati recenti derivati dallo studio del cromosoma Y hanno però indicato che la teoria ha bisogno di qualche modifica.

Le osservazioni compiute sulle popolazioni insulari del sud-est asiatico ci dicono che – benché abbiano esercitato un impatto significativo sul pool genico agricoltori di origine (in ultima analisi) cinese – in tutta l'Indonesia e la Melanesia si trova un numero consistente di linee evolutive indigene (particolarmente M130), le quali sono presenti con una frequenza elevata anche nei polinesiani. Queste osservazioni ci suggeriscono che l'agricoltura, dopo essere stata introdotta nel sud-est asiatico insulare, sia passata per una fase di maturazione quando fu adattata a piante locali. Anziché passar via rapidamente sul loro treno espresso, gli agricoltori indugiarono e procedettero per tentativi, adattando la loro cultura alla nuova patria. L'archeologo Peter Bellwood ha sottolineato che la resa delle varietà di riso cinese diminuisce significativamente se esse vengono coltivate presso l'equatore, avendo bisogno per maturare della variazione nella durata del giorno che si trova solo fuori dei tropici. Questi tipi di pressioni devono avere incoraggiato l'agricoltura a modificarsi passando per l'Asia sudorientale, sostituendo in qualche caso il miglio e il riso con altre piante. Questo cambiamento si riflette nella coltivazione del taro (*Colocasia antiquorum*), onnipresente in tutto il Pacifico, il cui rizoma ricco di amido viene usato per produrre il *poi* hawaiiano. Anche i geni delle popolazioni umane attestano un soggiorno nell'Asia sudorientale prima di puntare verso il mare.

La risposta alla nostra domanda dei tempi può essere quindi trovata nella fase di maturazione dell'agricoltura. I protopolinesiani furono infatti in grado di far vela verso terre inesplorate solo dopo avere consolidato una variante tropicale pienamente matura dell'agricoltura. Essi portarono con sé le loro piante, fiduciosi nella loro capacità di sopravvivere dovunque fossero approdati. I cacciatori-raccoglitori non sarebbero mai stati in grado di compiere un balzo del genere, ripetutamente, nell'oceano ignoto, perché non avevano idea di che cosa si estendesse al di là dell'orizzonte, mentre i polinesiani, eredi di una tradizione agricola ben

adattata, erano in grado di controllare il loro destino. Essi furono forse incoraggiati a prendere il mare da una rapida espansione demografica in patria (un'altra conseguenza dell'agricoltura), ma la loro impresa fu possibile solo perché avevano la *scelta* di navigare nell'ignoto. E fu il perseguimento di un ventaglio di scelte sempre crescente a produrre il big bang finale della storia evolutiva umana.

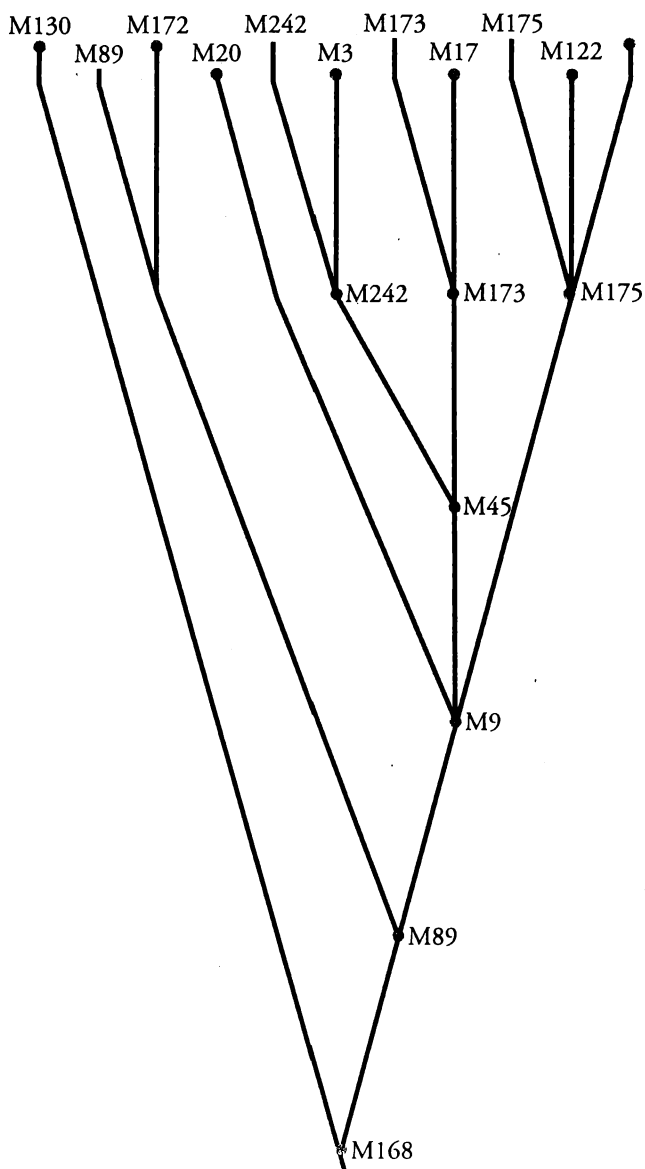



Figura 9. Questo albero genealogico illustra i rapporti fra i marcatori del cromosoma Y discussi nel testo. Essi risalgono tutti all'M168, che visse in Africa.

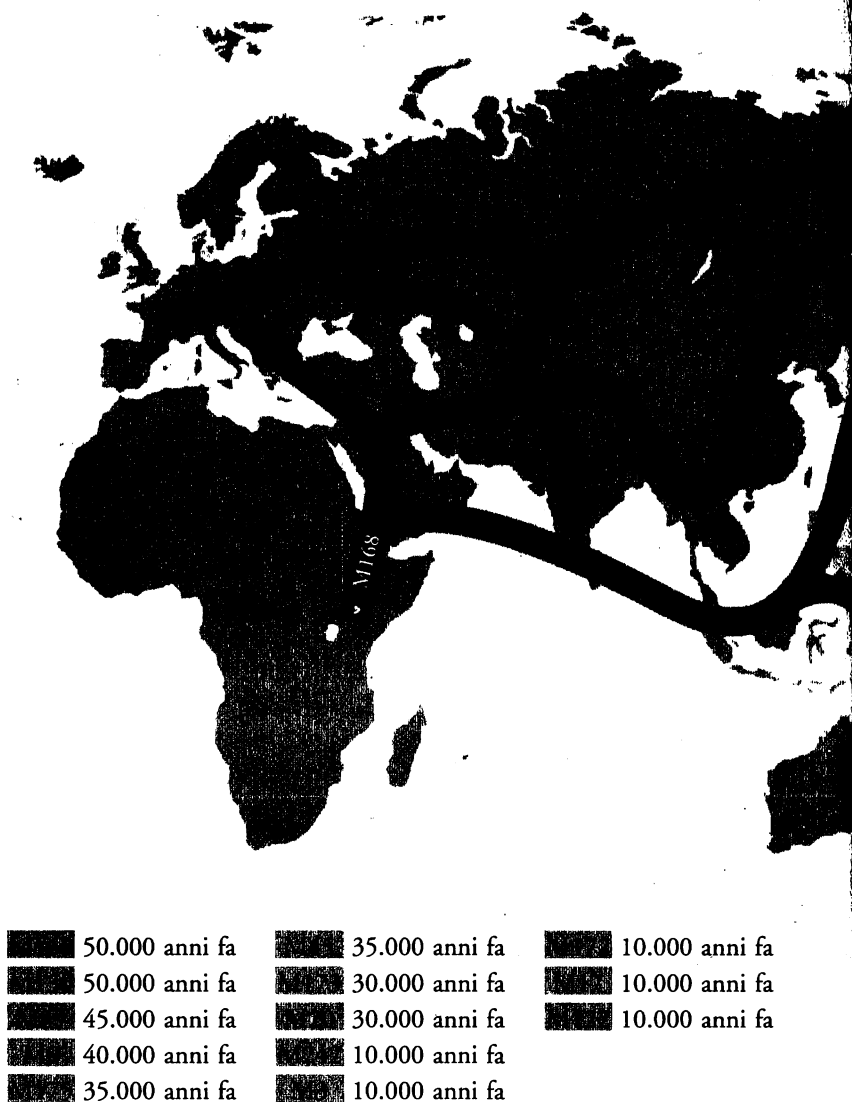



Figura 10. La diffusione delle diverse linee evolutive del cromosoma Y nel mondo.

9
L'ULTIMO BIG BANG

Se conosci la tua storia, sai da dove vieni.
Bob Marley, *Buffalo Soldier*[1]

Un paio di anni fa mi fu chiesto di compiere un'analisi genetica nell'ambito di un programma televisivo: l'intento era quello di dimostrare, usando dati genetici, che tutti gli esseri umani discendono da un progenitore africano recente. All'inizio esitai poiché una tale analisi, davanti a una telecamera, avrebbe comportato la rivelazione di risultati genetici personali che tutto il mondo avrebbe potuto vedere. Accettai di compiere l'analisi solo dopo essere stato rassicurato dai produttori e dalle persone che avevano donato i campioni. Quattro uomini di varie razze, che vivevano a Londra, si offrirono come volontari per fare esaminare il loro cromosoma Y, e io ne analizzai i marcatori di cui ci siamo occupati in questo libro: l'M168, l'M130 e via dicendo. Completato il lavoro, i dati presentarono la configurazione attesa per tre dei quattro soggetti. L'uomo con avi irlandesi/scozzesi aveva un cromosoma Y definito dal marcatore M173, la linea evolutiva del cromosoma Y che presenta la massima frequenza nell'Europa occidentale. Il giapponese aveva l'M122, come il 20 per cento circa dei suoi connazionali. Il pakistano aveva il marcatore M89, che si trova in tutto il Medio Oriente e nell'Asia centrale. L'ultimo soggetto presentò invece una situazione sorprendente. Afrocaraibico, sperava che venisse in luce una connessione genetica con gli zulu dell'Africa australe, con i quali sentiva un forte legame culturale. Il DNA rivelò una storia più complicata.

Quest'uomo risultò avere un cromosoma Y M173, che

caratterizza la classica linea evolutiva europea. Questo marcatore non è mai stato identificato nelle centinaia di campioni esaminati di indigeni africani della zona subsahariana, cosicché la domanda ovvia era in che modo egli potesse presentare un risultato così anomalo. I marcatori su altri cromosomi rivelavano che egli era per il resto geneticamente africano, avendo fra l'altro anche un marcatore che io avevo identificato per la prima volta in un uomo zulu intorno al 1995. Era chiaro che il cromosoma Y stava raccontando una storia diversa, che ci aiuta a illustrare il tema principale di questo capitolo.

La ragione per cui il nostro soggetto afrocaraibico aveva un cromosoma Y europeo era che, a un certo punto in passato, uno dei suoi avi maschi doveva avere avuto un padre europeo. Data la sua storia familiare, era probabile che ciò fosse accaduto quando la sua famiglia viveva nei Caraibi, durante il periodo della schiavitù. È chiaro che la conoscenza della storia delle migrazioni recenti era decisiva nell'interpretazione di questo risultato. Una volta riconosciute le circostanze, divenne molto facile riconciliare i dati sul cromosoma Y col resto della storia genetica, dando quindi un senso a questo complesso albero genealogico.

Questo caso sorprendente era forse unico? Assolutamente no. Fra gli afroamericani, almeno il 30 per cento delle linee evolutive del cromosoma Y sono di origine europea. La tratta degli schiavi ha lasciato chiari segni nel DNA delle persone di ascendenza africana che vivono fuori dell'Africa. Essi non sono però gli unici ad avere una tale ascendenza mista. Negli ultimi 500 anni – periodo che abbraccia l'epoca delle grandi esplorazioni da parte degli europei e la Rivoluzione industriale – gli esseri umani sono diventati molto più mobili di quanto non fossero in passato. Oggi i discendenti dei primi esseri umani moderni entrati in Eurasia dall'Africa si muovono in tutto il mondo a un ritmo che lascerebbe senza fiato i nostri progenitori del Paleolitico Superiore. Il big bang finale nella storia dell'evoluzione umana – che potreb-

be essere chiamato la rivoluzione della mobilità – ha dato origine all'era della globalizzazione. Mentre esponenti del commercio e della politica discutono le conseguenze culturali ed economiche del fatto di vivere in un « villaggio globale », e la ricaduta ecologica si manifesta in una perdita sempre più accelerata della biodiversità, sono forse meno chiari gli effetti genetici dell'ultimo big bang.

Un filo linguistico

Come genetista mi sono concentrato soprattutto sulla decifrazione dei rapporti fra le popolazioni che vivono nell'Asia centrale. Gli Stati ex sovietici dell'Uzbekistan, del Kazakhstan, del Kirghizistan e i loro vicini rimasero inaccessibili alla maggior parte degli scienziati occidentali durante il periodo sovietico, e quando furono aperti all'inizio degli anni '90 colsi al volo l'opportunità di andarvi. La raccolta di campioni sulla diversità genetica del mondo si era concentrata, fino a quel tempo, specialmente sull'Europa, sull'Asia orientale (in particolare sulla Cina e sul Giappone), sul Sudafrica e sul Nordamerica. L'Asia centrale era pressoché sconosciuta: una « scatola nera » della distribuzione dei geni nel mondo.

Mi recai per la prima volta nell'Asia centrale nell'estate del 1996, e da allora le mie ricerche mi hanno ricondotto varie volte in quei Paesi. Ci sono andato viaggiando da Londra in Land Rover, o volando a volte precariamente su aerei non molto affidabili del periodo sovietico, e ho attraversato a piedi confini remoti portando nello zaino apparecchiature per il prelievo di campioni genetici. Uno dei miei viaggi più memorabili fu quando visitai il Tagikistan nell'agosto del 2000. In collaborazione con scienziati e medici locali, intendevo prelevare campioni di sangue di persone appartenenti a vari gruppi etnici che vivevano nelle regioni montuose del Paese. Uno di questi gruppi era quello degli yagnob.

Gli yagnob sono una popolazione connessa direttamente

ai tempi della Via della seta. La loro lingua, lo yagnobi, discende direttamente dal sogdiano, che un tempo era la lingua franca della Via della seta, un po' come l'inglese è la lingua commerciale di oggi. Intorno alla metà del I millennio a.C., il sogdiano era parlato nei centri commerciali di tutta l'Asia centrale, dalla Persia alla Cina. Dopo le conquiste musulmane del VII-IX secolo, il suo uso declinò, e nel XX secolo tutti i dialetti si erano estinti, tranne uno. Gli yagnob, che vivono in pochi villaggi isolati nella remota valle di Zerafshan, nel Tagikistan settentrionale, parlano ancora l'antica lingua, un artefatto linguistico che ha un'età di 1500 anni. Ci proponevamo di far loro visita e spiegare il nostro progetto, sperando che volessero partecipare alla nostra ricerca per ricostruire la loro storia attraverso i segnali contenuti nel loro DNA.

Per arrivare ai villaggi degli yagnob dalla capitale tagika di Dushanbe, si doveva valicare un passo che era stato da poco tempo riconquistato dalle forze governative, nella lunga guerra civile che aveva insanguinato il Tagikistan. Dopo avere attraversato vari posti di controllo, presidiati da soldati armati di Kalashnikov, ed essere scesi in una serie di valli parallele dall'altro lato, trovammo una strada in terra battuta che si dirigeva verso nord-est, lungo il corso del fiume Zerafshan. Varie ore più tardi, dopo avere spinto il nostro vecchio caravan sovietico lungo tratti di terreno accidentato, raggiungemmo un piccolo *kishlak*, o villaggio. Animati da grandi speranze, saltammo giù e chiedemmo di parlare col « capo » locale. Gli spiegammo il nostro progetto sorseggiando il tè, mentre il vecchio rifletteva su ciò che avevamo detto. Infine ci disse che avevamo fatto quel viaggio per niente.

Gli yagnob erano vissuti lì per generazioni, ci spiegò, forse addirittura dai tempi della Via della seta. Negli anni '60, però, la siccità aveva indotto i sovietici a risistemarli in villaggi nei territori più in basso. Verso la fine degli anni '80, inoltre, c'era stato un terremoto, e molti di coloro che erano rimasti si trasferirono a Dushanbe. Ora era diventato molto

difficile trovare degli yagnob che vivessero nelle loro antiche terre. Nella capitale si potevano trovare tassisti o addetti alle pulizie provenienti da questa regione, ma – eccezion fatta per un remoto villaggio sulle montagne che poteva essere raggiunto con una camminata di vari giorni – gli yagnob avevano in gran parte abbandonato la loro antica patria. Delusi, lo ringraziammo e partimmo. Dopo un altro paio di giorni di ricerche riuscimmo a trovare un villaggio yagnob, e gli abitanti furono molto lieti di aiutarci nel nostro lavoro, ma alla fine raccogliemmo più campioni di quest'antica popolazione cercando yagnob nella capitale. Il nostro sforzo per trovare un residuo isolato della Via della seta era quasi fallito.

Quel che il vecchio tagiko ci aveva spiegato accade effettivamente ogni giorno in tutto il mondo. Gli yagnob non sono un caso insolito, anzi. È un fatto comune della vita moderna che dei villaggi vengano inghiottiti da città sempre più tentacolari, e che i loro abitanti vengano a trovarsi immersi in un miscuglio di lingue e di etnie che diventano sempre più complicate man mano che la città si espande. E mentre alcune società tollerano la diversità, molte la considerano un impedimento all'unità. Non la vedono di buon occhio specialmente i governi ansiosi di coltivare l'armonia culturale, particolarmente in Stati di recente creazione alla ricerca di un senso d'identità. Per capirne il motivo dobbiamo dare un'occhiata più attenta al modello di Stato sviluppato nell'Europa dell'Ottocento.

Lingue in declino

Visitando la Francia oggi, è difficile non rimanere impressionati dall'amore di questo popolo per la propria lingua. L'Académie Française, custode ufficiale della lingua nazionale, controlla di continuo il francese parlato e scritto, contribuendo a preservarlo dalle influenze straniere. Eppure, solo

150 anni fa – press'a poco sei generazioni fa – parlava il francese meno di metà della gente che viveva nel Paese. I più parlavano dialetti e lingue locali. In Italia, press'a poco nello stesso periodo, si stima che parlasse l'italiano meno del 10 per cento della popolazione. Il cancelliere austriaco Clemens von Metternich disse scherzosamente a quel tempo che, più che una nazione, l'Italia era un'« espressione geografica »: una frase vera se una lingua doveva essere un fattore essenziale di una nazione.

L'Europa dell'Ottocento era un turbine di nuove idee e di nuovi movimenti. Romanticismo, Realismo, industrializzazione, espansione coloniale: tutti questi fattori avrebbero dato contributi significativi allo sviluppo della nostra visione « moderna » del mondo. Una delle manifestazioni più importanti del nuovo pensiero fu l'ascesa del nazionalismo, che avrebbe creato la moderna carta politica d'Europa, e avrebbe avuto conseguenze di vasta portata sul resto del mondo.

Prima dell'Ottocento l'Europa era divisa in una miriade di feudi, regni e ducati. La vita era molto più « locale » di quanto non sia oggi. La gente aveva un dovere di fedeltà verso i propri governanti, e la vita ruotava intorno a eventi regionali. Tutto questo si rifletteva anche sull'istituzione del matrimonio, che tendeva a essere altamente localizzata. La distanza fra i luoghi di nascita dei coniugi fu per la maggior parte della storia europea di soli pochi chilometri, cosa che ebbe come conseguenza alti livelli di consanguineità, o di matrimoni intrafamiliari. Questi caratteri regionalistici si estendevano anche alla lingua. Per esempio, mentre la Francia moderna ha una lingua ufficiale, sulla quale vigila religiosamente l'Académie Française, verso la fine del Settecento c'erano molte lingue provinciali che avevano una storia di centinaia o di migliaia di anni. Il basco, il bretone, l'occitanico, il corso, l'alsaziano erano altrettante entità linguistiche distinte. Il bretone, per esempio, è una lingua celtica più vicina al gallese e al gaelico che al francese, pur essendo la lin-

gua della regione francese della Bretagna, sulla costa nord della Francia. Coloro che parlavano queste lingue regionali sentivano di possedere un'identità unica – un'etnicità, se si vuole – che sarebbe poi stata assorbita nel processo di creazione dello Stato francese.

Quando il nazionalismo prese piede in Europa, i nuovi Stati unificati si servirono della lingua per creare un senso di identità nazionale. I governi ricercarono un'unità culturale privilegiando una lingua sulle altre. Dal Settecento in poi l'inglese fu la lingua letteraria e burocratica primaria nel Regno Unito, ma molte delle persone che vivevano in Gran Bretagna parlavano lingue legate solo alla lontana all'inglese. L'effetto di questo stato di cose fu un'espansione del numero dei nativi che parlavano inglese a scapito delle lingue celtiche. La lingua celtica mannese (o *manx*, nota localmente come *Ghailckagh*), originaria dell'isola di Man, era parlata nel 1874 da 12.000 persone, ridottesi alla fine del secolo a sole 4000. L'ultima persona che parlava il mannese come prima lingua morì nel 1974, e oggi questa lingua è mantenuta in vita solo come una sorta di fossile vivente da poche centinaia di appassionati.

Nell'Ottocento l'apprendimento scolastico obbligatorio della lingua nazionale, come pure il servizio militare nazionale, aiutarono a diffondere la lingua scelta, e nell'arco di alcune generazioni il processo era quasi completato. La nazionalità era stata trasformata d'incanto in monolinguismo. Uno dei migliori esempi di intreccio di lingua e nazionalità viene dalla Germania. I fratelli Jacob e Wilhelm Grimm sono famosi per avere compilato le fiabe più famose che la maggior parte degli europei conosce dalla propria infanzia. Non è forse altrettanto noto che Jacob fu anche un importante linguista, che definì la regola per i cambiamenti di suono verificatisi durante l'evoluzione delle lingue germaniche: per esempio la trasformazione di una *b* presente nell'indoeuropeo ancestrale in una *p* del tedesco, e via dicendo. L'opera dei Grimm fu ispirata, almeno in parte, dal desiderio di fornire un senso di unità ai

popoli di lingua tedesca. Nel caso degli studi linguistici, l'intento era quello di definire e di codificare l'unità e la storia delle lingue germaniche, nel quadro della creazione di una norma linguistica nazionale. Le fiabe, d'altro canto, mirarono a registrare la cultura popolare dei tedeschi, nell'intento di preservarne e plasmarne l'identità nazionale. La Germania si accingeva a diventare « tedesca » e i Grimm furono fra gli artefici intellettuali della nuova nazione.

L'identificazione della storia con la lingua fu sviluppata in questo periodo del nazionalismo europeo, ma si ridusse semplicemente all'affermazione formale che le lingue tendono a definire culture, e che le culture sono intimamente connesse alle loro lingue. La ragione di ciò va vista nei tempi molto lunghi che si richiedono per la « creazione » di una lingua, da 500 a mille anni per svilupparne una distinta dalle sue lingue sorelle. Le lingue romanze, per esempio, si sono sviluppate in direzioni divergenti per circa 1500 anni, a partire dal tempo in cui il latino era la lingua dell'Impero romano. Oggi il francese, lo spagnolo, l'italiano, il rumeno, il catalano e il romancio (parlato nel cantone svizzero dei Grigioni) sono tutti legati da una comune discendenza dalla lingua dei romani. Altre lingue, come il basco, sono distinte da quelle circostanti da un tempo molto più lungo. In ogni caso, però, una lingua rappresenta il risultato finale di molti anni di isolamento culturale.

Quando una lingua va perduta, perdiamo un'istantanea che rappresentava una parte della nostra storia. Se si estinguesse la lingua dei baschi, perderemmo l'unica connessione che ci rimane con le lingue pre-indoeuropee dell'Europa. Se le duemila persone circa che parlano ancora lo yagnobi, in Tagikistan, saranno completamente integrate nella maggioranza di lingua tagika, e i loro figli smetteranno di imparare lo yagnobi, noi avremo perso questa connessione vivente con la Via della seta. Ogni volta che muore una lingua, perdiamo una parte della nostra storia culturale. Specialmente quando la lingua in questione non è stata studiata e registrata – cosa

che vale per la maggior parte delle lingue del mondo – si perde effettivamente un'istantanea irrecuperabile di un momento del nostro passato.

Oggi le quindici lingue più comuni del mondo – così valutate sulla base del numero delle persone che le parlano – sono parlate da metà della popolazione mondiale. Alcune di queste (fra cui l'inglese, lo spagnolo e l'arabo) furono diffuse dal colonialismo. Altre sono cresciute come numero di parlanti attraverso la crescita della popolazione stimolata dall'agricoltura: i due esempi migliori sono il cinese e l'hindi. Anche in questi casi, però, ha contribuito al loro successo la creazione di una lingua nazionale. Quel che è chiaro è che alcune lingue stanno acquistando una diffusione molto maggiore. Le cento lingue più importanti sono parlate dal 90 per cento della popolazione mondiale, benché i linguisti riconoscano più di 6000 lingue distinte. È chiaro che la maggior parte delle lingue sono parlate solo da poche persone.

Il futuro della maggior parte di queste lingue è quanto meno incerto. Esse vengono per lo più avviate all'estinzione dagli stessi processi che hanno ridotto il numero delle persone che parlano lo yagnobi e il mannese. La maggior parte di queste lingue condannate sono parlate da piccole popolazioni che sono state assorbite in gruppi maggiori o da essi disperse. La lingua yaghan – parlata dai fuegini di Darwin di cui ci siamo occupati nel capitolo 1 – è probabilmente già estinta, vittima del colonialismo europeo. I linguisti Daniel Nettles e Suzanne Romaine stimano che più di metà delle lingue del mondo potrebbero estinguersi entro il 2100, con un ritmo equivalente alla perdita di una lingua ogni due settimane. Si stima che nel 1500 venissero parlate in tutto il mondo 15.000 lingue, cosicché oggi abbiamo già perso circa metà della diversità linguistica di un tempo.

Qualcuno potrebbe però chiedersi: perché mai dovremmo occuparci dell'avvento dei nazionalismi e della perdita delle lingue, se al centro dell'interesse di questo libro c'è quel che il nostro genoma può dirci sulla nostra storia? Perché, come

abbiamo visto nel capitolo precedente, le lingue sono spesso correlate con la base genetica. In tale situazione, che cosa ci rivela la perdita della diversità linguistica sullo stato corrente dei nostri genomi, e sul loro futuro?

Il crogiolo globale

Come abbiamo visto, solo una piccola frazione della diversità genetica della specie umana distingue le popolazioni l'una dall'altra: la parte di gran lunga maggiore della variazione si trova all'interno delle singole popolazioni. Le ragioni per questo stato di cose sono due. La prima è che l'*Homo sapiens* è una specie relativamente giovane. Intorno a 50.000 fa – solo 2000 generazioni fa – tutti i nostri progenitori vivevano in Africa. Dato che le mutazioni si verificano solo di rado, e che occorre un po' di tempo prima che la loro frequenza aumenti al punto che se ne possa prelevare un campione da una popolazione, è probabile che la maggior parte della diversità che osserviamo oggi esistesse già in quella popolazione ancestrale africana. Ciò vale particolarmente per i polimorfismi diversi da quelli sul cromosoma Y. La maggior parte di tali altri polimorfismi sembra essere molto antica, in accordo col fatto che essi erano presenti nella popolazione ancestrale prima che l'uomo moderno uscisse dall'Africa.

Pare inoltre che le « razze » umane abbiano origini molto recenti. Per la maggior parte, i tratti fisici che distinguono i gruppi geografici umani moderni appaiono nella documentazione fossile solo a partire da circa 30.000 anni fa. La maggior parte dei fossili africani, asiatici ed europei più antichi sono molto simili fra loro. Anche se non sappiamo nulla sul colore della pelle, sul tipo di capelli e su altri caratteri esterni dei nostri progenitori, le ossa fossili riportate in luce ci suggeriscono che il nostro concetto di razza corrisponde in realtà a un fenomeno molto recente. Fu probabilmente la frammentazione dei gruppi umani dopo l'ultima epoca glaciale –

e non centinaia di migliaia di anni di evoluzione separata, come sostennero Carleton Coon e altri – a produrre le morfologie « razziali » distinte che vediamo negli esseri umani moderni. Per esempio, la sinodontia – la produzione di un dente dalla fusione di due abbozzi dentali, comune all'Asia nordorientale e alle Americhe – appare per la prima volta nella documentazione fossile meno di 30.000 anni fa. Prima di allora i denti degli asiatici erano molto simili a quelli degli uomini di tutte le altre parti del mondo.

L'altra ragione per spiegare l'uniformità genetica esistente fra le popolazioni umane è che gli esseri umani sono mobili, e che i gruppi umani si sono mescolati nel corso di tutta la storia. Perciò la variazione genetica ha finito col disperdersi nell'intera popolazione interessata. Così, anche i marcatori genetici che hanno avuto origine dopo l'uscita dell'uomo moderno dall'Africa – come la maggior parte dei marcatori sul cromosoma Y che abbiamo seguito in questo libro – saranno ampiamente distribuiti in conseguenza del successivo mescolamento di gruppi umani.

La dinamica dell'estinzione delle lingue indica che la mescolanza umana sta oggi accelerandosi. Le lingue sembrano estinguersi primariamente attraverso l'incorporazione di piccole popolazioni in precedenza isolate in una popolazione maggiore dominante, nello stesso modo in cui il mannese è stato incluso nella Gran Bretagna di lingua inglese. Accade di rado che una popolazione minoritaria si estingua effettivamente: essa viene piuttosto semplicemente incorporata nella maggioranza. Ma ci sono dati reali sulla rapidità con cui ciò effettivamente accade?

La risposta è: sì. La maggior parte dei Paesi sviluppati ha un censimento nazionale nel quale cui si contano e suddividono in unità demografiche le persone che vivono nel Paese. Le ragioni di questo fatto possono essere pratiche – quelle di assegnare per esempio rappresentanti politici o fondi governativi –, ma i dati rivelano anche verità più profonde sulla società. Il censimento forse meglio conosciuto è quello che

si tiene ogni dieci anni negli Stati Uniti (il più recente è stato nel 2000). Oltre a mostrare che la popolazione americana era salita a 281,4 milioni di persone, con un aumento del 13 per cento rispetto a quella del 1990, esso illustrò anche un paesaggio etnico in cambiamento. Per la prima volta, nel 2000 la gente fu in grado di precisare più esattamente la propria etnicità. Il numero delle categorie razziali passò da cinque a sessantatré, e per la prima volta si poterono riferire combinazioni di gruppi minoritari.

In totale, 6,8 milioni di persone descrissero se stesse come un misto fra la razza « bianca » e un gruppo minoritario. In una descrizione del genere si ignora, ovviamente, la mescolanza che ha creato la categoria « bianca », la quale potrebbe significare qualsiasi cosa da irlandese a libanese a marocchino. Come abbiamo visto in capitoli precedenti, già questa mescolanza da sola abbraccia una grande varietà di popolazioni e di marcatori. All'interno della categoria ufficiale « mista », molte persone che hanno progenitori misti si consideravano appartenenti a una razza a esclusione dell'altra, suggerendo che il vero numero del gruppo degli americani misti sia in realtà molto più elevato di quanto non riferissero i censimenti. Per esempio, ricerche compiute dall'Ufficio del censimento degli Stati Uniti mostrano che, mentre solo un 25 per cento dei soggetti di razza mista bianca e nera si consideravano bianchi, si dichiaravano bianchi metà circa dei soggetti misti bianco/asiatici e bianco/ispanici, e l'81 per cento dei soggetti misti bianco/amerindiani. Il censimento del 2000 chiarì fra l'altro che l'America è un crogiolo assai più di quanto si sarebbe potuto immaginare.

Il giocatore di golf Tiger Woods può essere più indicativo della faccia attuale degli Stati Uniti di quanto molti si rendano conto. Woods, che sostiene di avere avi afroamericani, europei e del sud-est asiatico, rientra nel gruppo sempre crescente di persone che avrebbero difficoltà a descrivere la loro etnicità in termini semplici. Anche quelli che si autodefiniscono con una singola classificazione, per esempio come

afroamericani, presentano spesso una mescolanza consistente con elementi di altri gruppi. Questa fu in effetti una delle critiche rivolte alla prima pubblicazione scientifica sull'Eva mitocondriale nel 1987. Poiché Cann, Stoneking e Wilson avevano usato gli afroamericani che vivevano nella baia di San Francisco come la loro popolazione rappresentativa degli « africani », i critici notarono che le linee evolutive più antiche nella loro analisi – quelle indicanti l'origine africana – potevano essere state in realtà non africane. Solo nel secondo articolo, del 1991, essi inclusero africani veri, cosa che permise di confermare la validità delle conclusioni raggiunte nel loro articolo precedente.

Tiger Woods è sotto molti aspetti una persona che avrebbe potuto nascere solo nel XX secolo. I suoi eterogenei progenitori, nati in parti del mondo opposte, avrebbero potuto incontrarsi negli Stati Uniti solo negli ultimi cento anni. Ma Woods è solo un esempio ovvio di un fenomeno in corso da qualche secolo, che ha condotto ad accalcare insieme persone che, in condizioni storiche differenti, non si sarebbero mai incontrate. Grazie anche al mutare degli atteggiamenti sociali verso le razze, oggi è molto più probabile che delle persone abbiano figli di sfondo etnico misto. Benché questa sia una cosa positiva da un punto di vista sociale, conducendo alla dissoluzione degli stereotipi razziali, comporta però anche che la nostra identità genetica stia diventando sempre più mista. La mescolanza delle razze sta distruggendo i vecchi tipi regionali di diversità genetica, sostituendoli con crogioli cosmopolitani di marcatori. Prendendo un campione di cento persone in un night-club nell'East Village di New York, potremmo trovare tutti i singoli marcatori di cui ci siamo occupati in questo libro presenti in una piccola popolazione, potenzialmente interfeconda. Le implicazioni di questo tipo di mescolanza per i nostri studi di storia genetica saranno l'ultima tappa in questo nostro viaggio.

Una finestra che si chiude

Il terzo big bang della storia umana ci ha condotti in un nuovo paesaggio genetico. Il mosaico di diversità che ci ha contraddistinti da quando le popolazioni umane hanno cominciato a divergere, circa 50.000 anni fa, sta ora riassortendosi, formando combinazioni che non sarebbero mai state possibili in precedenza. Anche se i marcatori genetici non si perderanno, potrebbe perdersi ben presto il contesto in cui hanno avuto origine. E anche se possiamo ricostruire il rapporto genetico fra linee evolutive nel nostro campione preso in un night-club di New York con la stessa facilità con cui possiamo ricostruirlo in gruppi isolati in tutto il mondo, il risultato avrà ben poco significato, in quanto non potremo situare l'analisi genetica in un contesto geografico. Il nostro viaggio costiero fino all'Australia si fonda, in effetti, sul fatto che la distribuzione dei cromosomi più antichi M130 è limitata alla parte meridionale dell'Eurasia, mentre essi mancano nel Medio Oriente. Solo raccogliendo campioni genetici di popoli indigeni vissuti in tali luoghi per un lungo periodo di tempo – in questo caso, idealmente, per 50.000 anni – possiamo sperare di inferire la composizione genetica dei loro progenitori. Le antiche popolazioni locali sono la chiave, e quanto meno sono miste tanto meglio è. Questi sono esattamente i gruppi che si vanno perdendo oggi. Se consideriamo come esempio indicativo la storia delle lingue, le comunità isolate vengono assorbite a un ritmo crescente. Inoltre, a causa della natura della vita industriale moderna, i membri di queste comunità stanno trasferendosi sempre più nelle città, dove i loro marcatori entreranno nel vasto crogiolo della diversità cosmopolita. Purtroppo, quando ciò accade, la storia unica che essi avevano da raccontare finisce con l'andare perduta.

Alcune popolazioni minoritarie stanno riscoprendo un senso di identità, mentre lottano contro l'ondata avanzante della cultura globale. Attivisti europei come il gruppo basco

dell'ETA, gli agricoltori francesi che compiono attentati ai danni dei ristoranti McDonald e i no-global, che mettono in atto manifestazioni di protesta contro i vertici economici, sono altrettanti segni della crescente consapevolezza che l'identità culturale va perduta su grande scala. I loro metodi sono però troppo estremistici per trovare un ampio sostegno nell'opinione pubblica. Quanto alla maggior parte delle popolazioni indigene, i guadagni del fatto di entrare a far parte del villaggio globale sono troppo allettanti per poter essere ignorati. La decisione di abbandonare l'antico villaggio si riduce spesso a una scelta personale, alla percezione che altrove ci sono opportunità migliori, o che l'ambiente locale non ha più nulla da offrire. In definitiva, non potendo limitare le scelte personali, gli attivisti sono condannati a perdere la loro battaglia.

La storia che ho ricostruito in questo libro non avrebbe potuto essere raccontata prima d'ora. Essa non è in ogni caso più che un abbozzo a grandi linee di una storia molto più dettagliata, la cui decifrazione richiederà molti altri anni. Noi possiamo avere una visione della foresta, ma sappiamo ancora assai poco sugli alberi. Molte popolazioni indigene, rendendosi conto dell'erosione a cui è gradualmente sottoposta la loro identità culturale, si rifiutano oggi di partecipare a studi scientifici. La storia dello sfruttamento coloniale, con tutte le iniquità e atrocità – come gli orrendi esperimenti medici inflitti agli aborigeni australiani alla metà dell'Ottocento –, ha condotto comprensibilmente molte popolazioni indigene a diffidare degli scienziati. Gli attivisti stanno inoltre riaffermando antichi tabù sulla riesumazione degli antenati, e stanno chiedendo la restituzione di materiali archeologici per poter seppellire degnamente i resti dei loro avi. Questi tabù culturali possono estendersi, e di fatto si estendono, anche alla concessione di campioni per studi genetici. In un certo senso, stiamo cercando di scavare il passato dal sangue di persone che vivono nel presente: un'attività che potrebbe essere interpretata anche in senso voyeuristico (o

peggio). Un desiderio di privacy culturale, combinato spesso al sospetto che i risultati scientifici possano non concordare con le proprie convinzioni, sta conducendo un numero sempre maggiore di gruppi indigeni alla scelta di non partecipare. Gli scienziati hanno la responsabilità di spiegare la pertinenza delle loro ricerche alle persone che sperano di poter studiare, per indurle a far sì che la loro partecipazione diventi ciò che effettivamente è: una cooperazione a uno sforzo di ricerca comune. Solo così possiamo riguadagnare un po' di quella fiducia che abbiamo perduto.

Oggi noi siamo sotto vari aspetti quella stessa specie del Paleolitico che ha lasciato l'Africa solo 2000 generazioni fa, con le stesse motivazioni e le stesse debolezze. È curioso che l'ultimo big bang della storia umana, che ci ha dato gli strumenti per «leggere» il massimo libro di storia che sia mai stato scritto – quello celato nel nostro DNA –, abbia creato anche un contesto culturale in cui sta diventando sempre più difficile compiere questo lavoro. I dati genetici che abbiamo intravisto mostrano inequivocabilmente che la nostra specie ha una singola storia condivisa. Ognuno di noi ne porta un capitolo unico racchiuso all'interno del proprio genoma, e noi abbiamo il dovere, per noi stessi e per i nostri discendenti, di scoprirne il contenuto. Da quando i nostri antenati sono scesi dagli alberi, abbiamo usato il nostro intelletto per esplorare il mondo esterno e per compiere estrapolazioni nel futuro. Nelle ultime migliaia di anni abbiamo cambiato il nostro mondo – e il nostro posto in esso – per sempre. Con lo sviluppo dell'agricoltura, e con la reazione culturale a catena da essa innescata, abbiamo acquistato il potere di scegliere la nostra traiettoria evolutiva. A questo potere è però associata una responsabilità accresciuta. Un dovere che possiamo ignorare solo a nostro pericolo è quello della scoperta della nostra identità. Una volta che la documentazione del nostro viaggio sia andata perduta, sarà scomparsa per sempre, come le orme dei nostri progenitori quando uscirono dall'Africa per colonizzare il mondo.

NOTE

1. La scimmia diversa

[1] Erodoto, *Le storie*, trad., introd. e note di Luigi Annibaletto, 2 voll., A. Mondadori, Milano, 1956; le citazioni sono dal vol. I, pp. 404, 362. (*N.d.T.*)

[2] Charles Darwin, *Viaggio di un naturalista intorno al mondo. Autobiografia. Lettere [1831-1836]*, a cura di P. Omodeo, Feltrinelli, Milano, 1967, p. 285. (*N.d.T.*)

[3] *Ibid.*, p. 546. (*N.d.T.*)

[4] Charles Darwin, *L'origine dell'uomo e la selezione sessuale*, trad. it. di M. Migliucci e P. Fiorentini, Newton Compton Editori, Roma, 1972, p. 193. (*N.d.T.*)

2. E pluribus unum

[1] Il principio di economia si manifesta qui semplicemente nell'applicazione di metodi che inferiscono la storia evolutiva in modo tale da minimizzare la complessità. Esso non si identifica necessariamente con il metodo noto come «principio della massima economia» usato da molti genetisti di popolazioni.

[2] Per analizzare il rapporto fra popolazioni sulla base delle frequenze geniche, Cavalli Sforza e Edwards svilupparono anche altri metodi, che si fondano in misura minore sulla minimizzazione del mutamento evoluzionistico. Il principio di economia è tuttavia ancora ampiamente usato nella genetica di popolazioni.

[3] Charles Darwin, *L'origine dell'uomo e la selezione sessuale*, cit., p. 181. (*N.d.T.*)

3. Il compagno di Eva

[1] Samuel Taylor Coleridge, *Kubla Khan*, trad. it. di M. Luzi, in *La lirica d'Occidente dagli inni omerici al Novecento*, antologia a cura di G. Conte, Ugo Guanda Editore, Milano, 1990, p. 458. (*N.d.T.*)

[2] Samuel Taylor Coleridge, *La ballata del vecchio marinaio*, in William

Wordsworth e Samuel Coleridge, *Ballate liriche*, trad. it. di F. Marucci, a cura di A. Brilli, A. Mondadori, Milano, 1979, p. 49. (*N.d.T.*)

4. *Seguendo le coste*

[1] Bruce Chatwin, *Le vie dei canti*, trad. it. di S. Gariglio, Adelphi, Milano, 1988, p. 102. (*N.d.T.*)

[2] Australasia è una denominazione usata soprattutto dai geografi anglosassoni per designare le isole dell'Indonesia o per comprendere, come qui, anche l'Australia. In quest'accezione noi usiamo il termine Oceania. (Per inciso, l'isola di gran lunga più grande del mondo è la Groenlandia.) (*N.d.T.*)

[3] Dei tre gruppi di Y che riconducono la loro origine a M168, in questo libro ne esamineremo solo due. Il terzo, che si trova principalmente in Africa, è definito da un marcatore noto come YAP o M1. Fuori dell'Africa esso si suddivide in due branche, che percorrono essenzialmente le stesse vie migratorie degli altri due gruppi di Y descritti nel testo. Ho deciso di ignorarlo in quanto aggiunge poco alla nostra comprensione delle migrazioni « fuori dell'Africa », e anche perché è raro nella maggior parte delle popolazioni non africane. Mi scuso con Mike Hammer, che lo ha scoperto all'inizio degli anni '90 del Novecento.

5. *Salti e balzi*

[1] Che i bambini pronuncino per prime le parole « mamma » e « papà » è probabilmente un *wishful thinking* legato alle amorevoli attese di tutti i genitori. Vero è che certi suoni sono più facili da pronunciare di altri e vengono quindi pronunciati per primi. È poi il generale consenso dei genitori ad attribuire a quei primi suoni il significato che più aggrada loro. In origine i romani designavano più realisticamente col nome *mamma* la mammella, e anche oggi, in italiano, chi può dire che i bambini dicano prima « papà » che « pappa »? (*N.d.T.*)

6. *La linea evolutiva principale*

[1] Lewis Carroll, *Alice nel paese delle meraviglie* e *Attraverso lo specchio*, trad. it. di M. D'Amico, EDIPEM, Novara, 1982, p. 129. (*N.d.T.*)

8. *L'importanza della cultura*

[1] *Dryas* è un genere di piante sempreverdi alpine o nordiche (fra cui la

Dryas octopetala), diffuse in climi freddi. Appartiene alla famiglia delle rosacee e ha fiori bianchi. (*N.d.T.*)

[2] Antica lingua tirrenica dell'isola di Lemno, affine all'etrusco, che si estinse forse intorno al 400 a.C. (*N.d.T.*)

[3] Charles Darwin, *L'origine delle specie*, trad. it. di L. Fratini, dalla 6ª ed., del 1871, Boringhieri, Torino, 1967, cap. 14, p. 489. (*N.d.T.*)

9. L'ultimo big bang

[1] « If you know your history, then you know where you're coming from ». Sono due versi della canzone *Buffalo Soldier* del « re del reggae » Bob Marley (1945-1981). « I'm just a Buffalo Soldier in the heart of America, / Stolen from Africa, brought to America... » (*N.d.T.*)

RINGRAZIAMENTI

Nella preparazione di questo libro ho tratto un enorme beneficio dall'aiuto e dall'intelligenza di molti colleghi, che mi hanno fornito dati, interpretazioni e controargomenti per molte delle tesi qui sostenute. Al primo posto vorrei nominare Peter Underhill, le cui accurate ricerche sulla genetica di popolazioni del cromosoma Y mi hanno permesso di raccontare questa storia. Sono stati Peter e i suoi colleghi a Stanford a scoprire la maggior parte dei marcatori discussi in questo libro, e l'intero campo di studio ha un debito di gratitudine nei suoi confronti. Ho imparato molto anche dalle mie ricerche con Li Jin, un vero pozzo di scienza sulla storia delle popolazioni dell'Asia orientale, e dai rapporti con i miei colleghi a Oxford Walter Bodmer, Tatiana Zerjal e Chris Tyler-Smith, che mi hanno spronato su vari dettagli di genetica e sono sempre stati per me una compagnia molto stimolante. Nadira Juldasheva e Ruslan Ruzibakiev mi hanno prodigato amicizia e collaborazione durante innumerevoli mesi di raccolta di esemplari in parti remote dell'Asia, e in tutti gli anni di lavoro di laboratorio che ne sono seguiti: *bol'shoj spasibo*. Merritt Ruhlen e Richard Klein sono stati lieti di discutere con me, rispettivamente, le loro ricerche di linguistica e di paleoantropologia, cosa che è stata per me di enorme importanza. Ringrazio anche Lluis Quintana-Murci, Matthias Krings e Mark Seielstad per le spiegazioni approfondite che mi hanno dato sulle loro ricerche nel corso di lunghi pasti consumati insieme e annaffiati da abbondanti bevute, a Parigi, Londra e Boston: valeva la pena di soffrirne i postumi. I miei colleghi alla Tigress Productions a Londra, che hanno sempre creduto in questo proget-

to durante il lungo lavoro di preparazione del film per la televisione, hanno prodotto un'opera meravigliosa: grazie a Jeremy, Justine, Clive, David, Ceri, Jackie, Aidan e Martin. Siamo stati fortunati ad avere un grande produttore, Jennifer Beamish, la cui acuta intelligenza ha fornito una cassa di risonanza perfetta per molte delle idee contenute in questo libro. Vorrei esprimere uno speciale ringraziamento al mio editore alla Penguin, Stefan McGrath, il cui entusiasmo per questo progetto non è mai venuto meno, e che è riuscito a fare un abile uso del bastone e della carota per indurmi a finire in tempo il libro durante il lungo lavoro delle riprese: ti devo alcune birre, Stefan. E infine vorrei scusarmi con mia moglie, Trendell, e con le mie figlie, Margot e Sasha, per le mie lunghe assenze durante la realizzazione di questo progetto. Anche quando ero a casa, ero spesso preoccupato: grazie per avermi sopportato.

ALTRE LETTURE

La migliore opera generale sulla genetica umana e sui suoi rapporti con la Preistoria è *The History and Geography of Human Genes* di Luca Cavalli Sforza, Paolo Menozzi e Alberto Piazza, Princeton University Press, Princeton, New Jersey 1994 (trad. it. di vari, *Storia e geografia dei geni umani*, Adelphi, Milano 1997). Questo libro straordinario compendia più di trent'anni di ricerche sui polimorfismi genetici classici nelle popolazioni umane ed è la migliore opera disponibile in un singolo volume sugli aspetti più tecnici di gran parte del materiale trattato in questo libro. Il libro più accessibile di Cavalli Sforza, *Genes, Peoples and Languages*, Penguin, London 2000 (trad. it. di E. Stubel, *Geni, popoli e lingue*, Adelphi, Milano 1996), presenta una parte delle sue ricerche innovatrici per un pubblico generico.

Altri tre libri si staccano come introduzioni indispensabili allo studio della Preistoria umana, più dall'angolo visuale delle pietre e delle ossa che da quello del DNA: Richard Klein, *The Human Career*, 2ª ed., University of Chicago Press, Chicago 1999 (trad. it. di F. Fedele, *Il cammino dell'uomo: antropologia culturale e biologica*, Zanichelli, Bologna 1995); Brian Fagan, *People of the Earth*, 8ª ed., Harper Collins, New York 1995; Chris Stringer e Robin McKie, *African Exodus*, Pimlico, London 1996. Tutt'e tre forniscono un panorama molto ampio della Preistoria umana, e il libro di Klein, in particolare, è connesso a un argomento molto convincente (che anch'io porto avanti in questo volume), ossia che fu il balzo in avanti intellettuale verificatosi in Africa circa 50.000 anni fa a permettere alla nostra specie di colonizzare il resto della Terra.

1. La scimmia diversa

Molti particolari sulla vita di Darwin sono tratti, oltre che dalla sua relazione sul viaggio intorno al mondo sul *Beagle* (*A Naturalist's Voyage. Journal of Researches into the Natural History and Geology of the Countries Visited During the Voyage of H.M.S. Beagle Round the World, Under the Command of Capt. FitzRoy, R. N.*, John Murray, London 1845 [trad. it. di M. Vegni Talluri, in *Viaggio di un naturalista intorno al mondo. Autobiografia. Lettere [1831-1836]*, a cura di P. Omodeo, Feltrinelli, Milano 1967]), anche dal leggibilissimo libro di Janet Browne, *Charles Darwin: Voyaging*, Alfred A. Knopf, New York 1995: il primo volume di un progetto di biografia definitiva in due volumi. Due opere di Darwin sono così ben note da non avere bisogno di alcuna presentazione: *On the Origin of Species by Means of Natural Selection or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life* (John Murray, London 1859; riproduzione in facsimile con un'introduzione di Ernst Mayr, Atheneum, New York 1967 [trad. it. di L. Fratini, dalla 6ª ed., del 1871, *L'origine delle specie*, Boringhieri, Torino 1967; trad. it. di C. Balducci, dall'ed. del 1859 con le varianti dell'edizione del 1872, *Origine delle specie per selezione naturale o la preservazione delle razze privilegiate nella lotta per la vita*, Newton Compton, Roma 1993]) e *The Descent of Man and Selection in Relation to Sex* (John Murray, London 1871 [trad. it. di M. Migliucci e P. Fiorentini, *L'origine dell'uomo e la selezione sessuale*, Newton Compton Editori, Roma 1972]).

Le ricerche di Carleton Coon sono state compendiate in due libri che hanno esercitato una grande influenza: *The Origin of Races*, Alfred A. Knopf, New York 1962 (trad. it. di E. Fano, *L'origine delle razze*, Bompiani, Milano 1970), e *The Living Races of Man*, Alfred A. Knopf, New York 1965. L'eccellente compendio fatto da Daniel Kevles della perversione di un ideale ingenuo si può trovare nel suo libro *In the Name of Eugenics*, Alfred A. Knopf, New

York 1985, e altro materiale è coperto in Stephen Jay Gould, *The Mismeasure of Man*, W. W. Norton, New York 1981 (trad. it., *Intelligenza e pregiudizio*, Editori Riuniti, Roma 1985), e in Jonathan Mark, *Human Biodiversity*, Aldine de Gruyter, New York 1995.

2. *E pluribus unum*

Il titolo di questo capitolo – in latino « una cosa sola formata da molte » – è il motto del sigillo ufficiale degli Stati Uniti, che si trova su tutte le monete degli americani.

La storia degli studi sui gruppi sanguigni e della loro applicazione alla genetica di popolazioni umane è stata compendiata nel libro fondamentale di Arthur Mourant *The Distribution of the Human Blood Groups*, Blackwell, Oxford 1954. Gran parte del mio esame dell'opera di Lewontin deriva da molte ore trascorse a discutere con lui la genetica e la diversità umana, ma molte sue idee sono spiegate in *The Genetic Basis of Evolutionary Change*, Columbia University Press, New York 1974, e in *Human Diversity*, Scientific American Press, New York 1982 (trad. it. di L. Maldacea, *La diversità umana*, Zanichelli, Bologna 1987). Il suo articolo originario in cui si analizza la variazione genetica umana fu pubblicato nel *Journal of Evolutionary Biology*, 6 (1972), pp. 381-398, ed è una delle massime pubblicazioni del XX secolo nel campo della genetica umana.

I libri di Theodosius Dobzhansky, *Genetics and the Origin of Species*, Columbia University Press, New York 1982, e di Motoo Kimura, *The Neutral Theory of Molecular Evolution*, Cambridge University Press, Cambridge 1983, sono buoni compendi dei contributi di questi scienziati alla genetica di popolazioni.

Le ricerche di Cavalli Sforza sono compendiate in Luigi Luca Cavalli Sforza, Paolo Menozzi e Alberto Piazza, *The History and Geography of Human Genes*, Princeton Universi-

ty Press, Princeton, New Jersey, 1994 (trad. it. di vari, *Storia e geografia dei geni umani*, Adelphi, Milano 1997). Gli articoli originari che descrivevano gli alberi genealogici della popolazione umana furono pubblicati da Anthony Edwards e da Cavalli Sforza in V.E. Heywood e J. McNeill (a cura di), *Phenetic and Phylogenetic Classification*, The Systematics Association, London 1964, pp. 67-76; in Cavalli Sforza ed Edwards, *Proceedings of the 11th International Congress of Genetics*, 2 (1964), pp. 923-933; e in Cavalli Sforza, Barrai ed Edwards, *Cold Spring Harbor Symposium on Quantitative Biology*, 29 (1964), pp. 9-20. *The Genetics of Human Populations* (Cavalli Sforza e Walter F. Bodmer, W. H. Freeman and Company, San Francisco 1971) è un testo classico: per fortuna quest'opera è stata recentemente ristampata dalla Dover dopo essere rimasta non disponibile per molti anni.

Il principio di economia è discusso in modo molto più dettagliato in Elliot Sover (a cura di), *Conceptual Issues in Evolutionary Biology*, MIT Press, Cambridge, Mass., 1984, e nel contributo di Arnold Kluge a T. Duncan e T. F. Stuessy (a cura di), *Cladistic: Perspectives on the Reconstruction of Evolutionary History*, Columbia University Press, New York 1984, pp. 24-38.

Le ricerche di Zuckerkandl e di Pauling sull'uso delle molecole per inferirne la storia evoluzionistica furono pubblicate in vari articoli durante l'inizio degli anni '60; i migliori compendi si trovano in M. Kasha e B. Pullman (a cura di), *Horizons in Biochemistry*, Academic Press, New York 1962, pp. 189-225; e in *Journal of Theoretical Biology*, 8 (1965), pp. 357-366. Le ricerche di Rebecca Cann, Mark Stoneking e Allan Wilson sull'Eva mitocondriale furono pubblicate in *Nature*, 325 (1987), pp. 31-36, e furono seguite da Vigilant et al., in *Science*, 253 (1991), pp. 1503-1507. L'analisi di sequenze complete del DNA mitocondriale (che dimostrò un'origine inequivocabilmente africana per le linee evolutive dell'mtDNA) fu pubblicata da Ingman et al. in *Nature*, 408 (2000), pp. 708-713.

Un eccellente compendio storico delle prime ricerche di paleoantropologia si trova nel libro di Eric Trinkaus e di Pat Shipman *The Neanderthals*, Vintage, New York 1992. Altri materiali si trovano in Brian Fagan, *People of the Earth*, 8ª ed., Harper Collins, New York 1995, e in Richard Klein, *The Human Career*, 2ª ed., University of Chicago Press, Chicago 1999 (trad. it. di F. Fedele, *Il cammino dell'uomo: antropologia culturale e biologica*, Zanichelli, Bologna 1995), come pure in Garniss Curtis, Carl Swhisher e Roger Lewin, *Java Man*, Little, Brown, London 2000, e in Robin McKies, *Ape Man*, BBC, London 2000.

3. Il compagno di Eva

Altri studi del DNA a sostegno di un'origine africana dell'uomo moderno furono pubblicati da Wainscoat et al., in *Nature*, 319 (1986), pp. 491-493, da Tishkoff et al., in *Science*, 271 (1996), pp. 1380-1387, e da Jin et al., in *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 96 (1996), pp. 3796-3800. Ci sono anche altri studi che analizzano regioni diverse del genoma, ma tutti mostrano essenzialmente lo stesso modello: una diversità genetica maggiore all'interno dell'Africa.

Due buone esposizioni tecniche generali sulla struttura e l'evoluzione del cromosoma Y sono quelle di Jobling e Tyler-Smith, in *Trends in Genetics*, 11 (1995), pp. 449-456, e di Lahn et al., in *Nature Reviews Genetics*, 2 (2001), pp. 207-216. I primi articoli sulla variazione del cromosoma Y furono quelli di Casanova et al., in *Science*, 230 (1985), pp. 1403-1406, di Lucotte e Ngo, in *Nucleic Acids Research*, 13 (1985), pp. 82-85, di Dorit et al., in *Science*, 268 (1995), pp. 1183-1185, e di Hammer, in *Science*, 378 (1995), pp. 376-378. La dHPLC (Denaturing High Performance Liquid Chromatography: cromatografia liquida denaturante ad alto rendimento) e le sue applicazioni alla genetica di popolazioni

del cromosoma Y sono discusse in Underhill et al., *Genoma Research*, 7 (1997), pp. 996-1005. L'articolo di Underhill et al. che data Adamo a 59.000 anni fa fu pubblicato in *Nature Genetics*, 26 (2000), pp. 358-361.

4. Seguendo le coste

Bruce Chatwin, *The Songlines*, Vintage, London 1987 (trad. it. di S. Gariglio, *Le vie dei canti*, 7ª ed., Adelphi, Milano 2000) fornisce un'introduzione generale alla cultura degli aborigeni. Altre buone fonti sulla Preistoria australiana sono Alexander Wycklif W. Reed, *Aboriginal Myths, Legends & Fables*, Reed New Holland, Sydney 1993; Sylvia Kleinert e Margo Neale, *Oxford Companion to Aboriginal Art and Culture*, Oxford University Press, Oxford 2000; e Tim Flannery, *The Future Eaters*, Reed New Holland, Sydney 1994. Archeologia e geologia del lago Mungo sono descritte in Allan Fox, *Mungo National Park*, Beaten Track Press, Yarralumla 1997. Le date per i resti umani nell'area del lago Mungo sono attualmente in corso di revisione, e io ho tratto molto beneficio da colloqui con l'archeologo Dog Williams, dirigente della Willandra Lakes World Heritage Area, con base a Buronga, nel Nuovo Galles del Sud.

Una buona introduzione alla geografia e al clima dell'Africa è L.A. Lewis e L. Berry, *African Environments and Resources*, Unwin Hyman, Boston 1988. La ricerca di Robert Walter e colleghi sugli abitanti delle coste africane è descritta in *Nature*, 405 (2000), pp. 65-69. Le prove fornite dal DNA mitocondriale di un esodo dall'Africa lungo le coste furono pubblicate da Lluis Quintana-Murci in *Nature Genetics*, 23 (1999), pp. 437-441. I dati sul cromosoma Y relativi alla distribuzione del marcatore M130 (noto anche come RPS4YT) sono tratti da tre pubblicazioni: Kayser et al., *American Journal of Human Genetics*, 68 (2001), pp. 173-190; Peter Underhill et al., *Annals of Human Genetics*, 65

(2001), pp. 43-62; e Spencer Wells et al., *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 98 (2001), pp. 1044-1049. Le prove archeologiche di un'emigrazione costiera di uomini del Paleolitico Superiore (o l'assenza di tali prove) vengono presentate in Peter Bellwood, *Prehistory of the Indo-Malaysian Archipelago*, University of Hawaii Press, Honolulu 1997, e negli articoli di Gregory Possehl e Charles Higham sulla Preistoria, rispettivamente, dell'Asia meridionale e dell'Asia sudorientale, in *The Oxford Companion to Archaeology*, Oxford University Press, Oxford 1996, pp. 52-57.

Lo scenario proposto in questo capitolo, di popolazioni che si spingono dall'Africa fino all'Australia, vivendo durante il viaggio delle risorse offerte dalle coste, è simile a quello illustrato da Jonathan Kingdon in *Self-made Man and His Undoing*, Simon and Schuster, New York 1993.

5. Salti e balzi

L'espressione « grande balzo in avanti » fu applicata per la prima volta allo studio della Preistoria umana da Jared Diamond, in *The Rise and Fall of the Third Chimpanzee*, Vintage, London 1991 (trad. it. di L. Sosio, *Il terzo scimpanzé. Ascesa e caduta del primate Homo sapiens*, Bollati Boringhieri, Torino 1994, cap. 2): un compendio affascinante della Preistoria umana. Fra le buone fonti sull'origine del linguaggio si possono citare Steven Mithen, *The Prehistory of the Mind*, Phoenix, London 1996; Steven Pinker, *The Language Instinct*, William Morrow, New York 1994 (trad. it. di G. Origgi, *L'istinto del linguaggio: come la mente crea il linguaggio*, A. Mondadori, Milano 1997); e Sue Taylor Parker e Michael L. McKinney, *Origins of Intelligence: The evolution of Cognitive Development in Monkeys, Apes and Humans*, Johns Hopkins University Press, Baltimore 1999. Il libro di William Calvin, *A Brain For All Seasons*, University of Chicago Press, Chicago 2002, discute l'impatto del cambia-

mento di clima sull'evoluzione del cervello umano. *An Introduction to Child Development* (Thomas Keenan, Sage, London 2002) è una buona rassegna generale su questo argomento molto complesso.

La ricerca di Henry Harpending e colleghi sulle informazioni fornite dal DNA mitocondriale sulle migrazioni delle popolazioni umane è presentata in un articolo in *Human Biology*, 66 (1994), pp. 761-775. Gran parte delle informazioni sul cambiamento di clima in Africa e sulla documentazione fossile nel Medio Oriente è stata tratta dai libri di Richard Klein, *The Human Career*, 2ª ed., University of Chicago Press, Chicago 1999 (trad. it. di F. Fedele, *Il cammino dell'uomo: antropologia culturale e biologica*, Zanichelli, Bologna 1995); di Chris Stringer e Robin McKie, *African Exodus*, Pimlico, London 1996; e di John Gowlett, *Ascent to Civilization*, Alfred A. Knopf, New York 1984.

6. La linea evolutiva principale

L'ordinamento dei marcatori del cromosoma Y discussi in questo capitolo e le loro implicazioni per le migrazioni umane appaiono in Peter Underhill et al., in *Nature Genetics*, 26 (2000), pp. 358-361, e in *Annals of Human Genetics*, 65 (2001), pp. 43-62. La diffusione delle linee evolutive del cromosoma Y lungo la steppa eurasiatica è discussa in Spencer Wells et al., in *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 98 (2001), pp. 1044-1049. Una buona rassegna panoramica della documentazione fossile dell'Asia centrale è *History of the Civilizations of Central Asia*, vol. I, *The Dawn of Civilization: the earliest times to 700 B.C.*, a cura di A.H. Dani e V.M. Masson, UNESCO, Paris 1992. Le ricerche di Lewis Binford sull'importanza del consumo di carogne nell'antica dieta umana sono state illustrate in molte pubblicazioni: se ne può trovare un buon esempio in *Journal of Anthropological Archaeology*, 4 (1985), pp. 292-327. Le ricerche di Cavalli

Sforza sulle popolazioni cinesi sono discusse in Luigi Luca Cavalli Sforza, Paolo Menozzi e Alberto Piazza, *The History and Geography of Human Genes*, Princeton University Press, Princeton, New Jersey, 1994 (trad. it. di vari, *Storia e geografia dei geni umani*, Adelphi, Milano 1997).

7. Sangue da una pietra

Il libro di James Riordan, *The Sun Maiden and the Crescent Moon: Siberian Folk Tales* (Interlink Books, New York 1989), è una grande introduzione ai racconti dei popoli nativi della Siberia. Una buona rassegna dell'arte paleolitica delle caverne è Paul Bahn, *Journey Through the Ice Age*, Seven Dials, London 1997, ben illustrato con fotografie di Jean Vertut.

La prima sequenza del DNA di neandertaliani fu pubblicata da Matthias Krings e colleghi in *Cell*, 90 (1997), pp. 19-30: un articolo davvero fondamentale nello studio delle origini umane. La datazione del marcatore M173, la principale linea evolutiva del cromosoma Y dell'Europa occidentale, è fornita da Semino et al., in *Science*, 290 (2000), pp. 1155-1159. Il modello di Ezra Zubrow della demografia dei neandertaliani si trova in Chris Stringer e Paul Mellars (a cura di), *The Human Revolution*, Edinburgh University Press, Edinburgh 1989, pp. 212-231. La teoria di Kristen Hawkes dell'allevamento dei bambini piccoli da parte delle nonne e del suo effetto sulle popolazioni umane è discussa in *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 95 (1998), pp. 1336-1339.

Il libro a cura di M.G. Levin e L.P. Potapov, *The Peoples of Siberia*, University of Chicago Press, Chicago 1964, è una sorprendente esposizione generale dell'antropologia sovietica, oggi purtroppo esaurita. L'unico libro edito di Thomas Jefferson, *Notes on the State of Virginia*, W.W. Norton, New York 1972, è primariamente una collezione di fatti e

cifre sullo Stato, anche se le sezioni di antropologia meritano di essere lette. Richard Klein passa in rassegna gran parte del materiale sull'archeologia in *The Human Career*, 2ª ed., University of Chicago Press, Chicago 1999 (trad. it. di F. Fedele, *Il cammino dell'uomo: antropologia culturale e biologica*, Zanichelli, Bologna 1995). Il libro di James Chatters, *Ancient Encounters: Kennewick Man and the First Americans*, Simon and Schuster, New York 2001, descrive questa eccitante scoperta archeologica.

Le ricerche di Wallace e Torroni sul DNA mitocondriale degli americani nativi e sulle loro varie ondate migratorie furono esposte da loro in *Human Biology*, 64 (1992), pp. 271-279, e da Emoke Szathmary in *American Journal of Human Genetics*, 53 (1993), pp. 793-799. L'articolo di Peter Underhill et al. sul marcatore del cromosoma Y M3 apparve in *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 93 (1996), pp. 196-200. Fabricio Santos et al. e Tanya Karafet et al. pubblicarono i loro articoli sull'origine del marcatore 92R7 e dei nativi americani in *American Journal of Human Genetics*, rispettivamente 64 (1999), pp. 619-628, e 64 (1999), pp. 817-831. Le ricerche di Joseph Greenberg sulle lingue americane native sono passate in rassegna in Merritt Ruhlen, *A Guide to the World's Languages*, vol. I, *Classification*, Stanford University Press, Stanford 1987.

8. L'importanza della cultura

L'epigrafe a questo capitolo è tratta, con modifiche, da una storia della creazione contenuta in Arthur Cotterell, *Encyclopaedia of World Mythology*, Paragon, Bath 1999.

Una versione abbreviata del diario di bordo della nave del capitano Cook *Resolution* si può trovare in *The Journals of Captain Cook*, Penguin, London 1999.

Il libro di Kathleen Kenyon *Digging up Jericho*, Ernest Benn, London 1957, espone la sua scoperta delle origini

del Neolitico del Vicino Oriente. L'esposizione dell'origine del Neolitico a opera di Brian Fagan è contenuta nel suo libro *People of the Earth*, 8ª ed., Harper Collins, New York 1995. Le ricerche di Cavalli Sforza e dei suoi colleghi sull'« onda del progresso » sono compendiate in Albert J. Ammerman e Luigi Luca Cavalli Sforza, *The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe*, Princeton University Press, Princeton, New Jersey, 1984 (trad. it. di R. Bencivenga, *La transizione neolitica e la genetica di popolazioni in Europa*, Boringhieri, Torino 1986); in L. L. Cavalli Sforza, Paolo Menozzi e Alberto Piazza, *The History and Geography of Human Genes*, Princeton University Press, Princeton, New Jersey, 1994 (trad. it. di vari, *Storia e geografia dei geni umani*, Adelphi, Milano 1997); e in L. L. Cavalli Sforza, *Genes, Peoples and Languages*, Penguin, London 2000 (trad. it. di E. Stubel, *Geni, popoli e lingue*, Adelphi, Milano 1996). Le ricerche di Martin Richards e altri sulle prove di un'espansione nel Neolitico tratte dal DNA mitocondriale furono pubblicate nell'*American Journal of Human Genetics*, 59 (1995), pp. 185-203, mentre le ricerche di Semino et al. sulle prove tratte dal cromosoma Y furono presentate nell'articolo edito in *Science*, 290 (2000), pp. 1155-1159. Le ricerche di David Goldstein e colleghi sulla diffusione delle linee evolutive del cromosoma Y nell'Asia sudorientale si possono trovare in *American Journal of Human Genetics*, 68 (2001), pp. 432-443. La discussione degli aspetti negativi della transizione del Neolitico è tratta da varie fonti, fra cui Brian Fagan (vedi qui sopra), William McNeill, *Plagues and Peoples*, Doubleday, New York 1976 (trad. it. di L. Comoglio, *La peste nella storia*, Einaudi, Torino 1982), e *The Cambridge Encyclopaedia of Human Evolution*, Cambridge University Press, Cambridge 1992.

I libri di Merritt Ruhlen (*A Guide to the World's Languages*, vol. I, *Classification*, Stanford University Press, Stanford 1987, e *The Origin of Language*, John Wiley, New York 1994) e quello di Charles Barber (*The English*, Cambridge

University Press, Cambridge 1993) forniscono esposizioni generali di classificazione linguistica e di storia della linguistica. La *Cambridge Encyclopedia of Language*, a cura di David Crystal, Cambridge University Press, Cambridge 1997, è un'opera di riferimento eccellente. Le ricerche di Cavalli Sforza sulla genetica e le lingue sono passate in rassegna in *The History and Geography of Human Genes*, citata sopra, e il rapporto fra evoluzione culturale e biologica è esaminato con grande abbondanza di particolari in L.L. Cavalli Sforza e M.W. Feldman, *Cultural Transmission and Evolution: A Quantitative Approach*, Princeton University Press, Princeton, New Jersey, 1981. Il problema della ricerca della patria d'origine dell'indoeuropeo è passato in rassegna in due libri affascinanti: Colin Renfrew, *Archaeology and Language*, Jonathan Cape, London 1987 (trad. it. *Archeologia e linguaggio*, Laterza, Roma-Bari 1989) e Jim Mallory, *In Search of the Indo-Europeans*, Thames and Hudson, London 1989.

Le ricerche di Mark Seielstad e colleghi sulla patrilocalità e sulla variazione del cromosoma Y furono pubblicate in *Nature Genetics*, 20 (1998), pp. 278-280, così come quelle di Stoneking e colleghi sulle tribù matrilocali della Thailandia settentrionale (*Nature Genetics*, 29, 2001, pp. 20-21).

9. L'ultimo big bang

Il nazionalismo e l'avvento del monolinguismo sono brevemente compendiati nel libro di Timothy Baycroft, *Nationalism in Europe, 1785-1945*, Cambridge University Press, Cambridge 1998. L'estinzione delle lingue è discussa in David Nettle e Suzanne Romaine, *Vanishing Voices*, Oxford University Press, Oxford 2000. I dati dei censimenti degli Stati Uniti sono disponibili su un sito web governativo (http://www.census.gov/). Le statistiche sull'identità razziale sono state tratte da un articolo di Steven Holmes sul censimento nel *New York Times*, 3 giugno 2001.

INDICE ANALITICO

aborigeni australiani, 12
- vie dei canti, 12-13, 116

Académie Française, 220, 254-255

«Adamo» africano: primo progenitore maschile comune, 70-71, 76, 84, 108
- datazione di, 77, 83, 85-86, 91

Adamo eurasiatico (M168), 105-109, 118-119
- sua datazione, 118

adenina, 49, 79, 118

aeta delle Filippine, 110

Africa:
- line evolutive umane più antiche in, 86, 104
- paleoclimatologia, 101, 136-141
- piega epicantica, 88-90
- Rift Valley, 60-61
- storia geologico-biologica, 100

afroamericani: almeno il 30 per cento dei maschi hanno marcatori del cromosoma Y di origine europea, 251

Agassiz, Louis, 20, 26

agricoltura, 206-208, 213
- conseguenze demografiche, 208
- conseguenze genetiche dell', 208-214
- sua diffusione come un'onda di progresso, 212-216

Akashi, Hiroshi, 76

albatro, 73-74

albero genealogico del cromosoma Y: ramificazione eurasiatica, 106-108

albero genealogico mitocondriale: ramificazione eurasiatica, 106-108

ambienti tropicali, loro fragilità, 138

America:
- datazione dell'arrivo dell'uomo in, 188-190, 192-195
- due ondate migratorie in, 190, 196
- famiglie linguistiche, 196-199, 223
- quante ondate migratorie entrarono in A.?, 196, 199

Ammerman, Albert, 134

amminoacidi, 45-46
- nell'emoglobina, 46
- usati dalla natura per formare le proteine, 46

Andamane, isole, 110, 219

Anthropopithecus, 57

antiglobal, 264

antropologia fisica, 27-29, 32

Ardipithecus, 62

Aristotele, 42

arte preistorica del Paleolitico Superiore, 123

– nella caverna di Chauvet, 175-176
– nella caverna di Fumane (Verona), 175-176
– datazione della, 176
– a Pech Merle, 175-176
artiche regioni, comoportamento degli animali delle, 139
Asia centrale: ricerche genetiche in, 252-254
– yagnob, 252-254, 257
attualismo (o uniformismo), 20
Aurignaciano, 180
Australia, 93-99, 103
– fauna antica dell'Australia, 96
– fauna peculiare attuale dell', 94
– *Homo sapiens* unico ominide fossile in, 111
– viaggio dell'uomo dall'Africa all', 110, 117; tracce archeologiche del viaggio coperte dal mare, 113-114
australiani più antichi, 91, 103, 116
– datazione degli, 96-97, 111
– hanno mtDNA e cromosomi Y rari, 107
– inizio del loro viaggio dall'Africa, 136, 142
Australopithecus africanus (australopiteco africano), 60-61, 63, 127
austronesiana, famiglia linguistica, 244

bambino:
– sviluppo linguistico, 124-126
– sviluppo mentale del, 123-124
bantu, 88
– famiglia linguistica, 222
basi nucleotidi, *vedi* nucleotidi
Batadomba Lena, caverne di, 113
Beagle, 20-23
– viaggio del, 22
Beamish, Jennifer, 272
Bellwood, Peter, 110, 245
Bengtson, John, 234
Bergmann, regola di: le dimensioni corporee dei mammiferi crescono al crescere della latitudine, 137-138, 162
Bibbia, 18, 20, 26, 203, 218
Binford, Lewis, 163, 280
biogeografia, 34-35
biologia molecolare, 48
biometria, 31
Bobongara (Nuova Guinea), 114
Bodmer, Walter, 45, 271, 276
Bond, James, 107
Boqueirão de Pedra Furada, caverna di, 189
Bowler, Jim, 96
Breuil, Henri, 175
Broca, Paul, 28, 31
Bryant, gruppi sanguigni di, 33
Buzzati Traverso, Adriano, 39

Calvin, William, 152
campionamento genetico, 149
Cann, Rebecca, 52-53, 55, 262
– bibliografia, 276
– scoperta della Eva mitocondriale, 52
– studio della variazione dell'mtDNA, 52
Carroll, Lewis, 142, 268
– *Attraverso lo specchio*, 142, 268
Casanova, Miriam, 77, 277
Chatelperroniano, 156, 179
catastrofismo, 20-21

cavalli in America, 195-196
Cavalli Sforza, Luigi Luca, 11-12, 39-41, 43-45, 78, 134, 168, 178, 229, 230, 232, 240, 267
- bibliografia, 273, 275-276, 280-281, 283-284
- e Walter Bodmer, datazione della divergenza fra le varie popolazioni umane, 45
- e Anthony Edwards, «metodo della minima evoluzione», 44, 267
- rapporti fra marcatori genetici e lingue, 222-223, 233
- rapporti fra le varie popolazioni umane, 44
- studio degli effetti genetici dell'agricoltura insieme ad Alberto Piazza e Paolo Menozzi, 209-213
- studio di frequenze di gruppi sanguigni, 44

ceramica cordata, cultura della, 224
Chatwin, Bruce, 12, 93
- *Le vie dei canti*, 93, 268, 278

Chiesa contro il poligenismo, 26
Childe, V. Gordon, 206, 224, 226-227
Cina, 214-215
- coltivazione del miglio, 214
- marcatore M122, 215
- risicoltura, 214-215
- *Sinanthropus pekinensis*, 56, 58-59, 166, 199

citosina, 49, 79, 81
ciukci, 186-187
click (suoni avulsivi) in lingue africane, 86-88
Clovis, sito archeologico del Nuovo Messico, 188
- sua età, 188

Coca-Cola. evoluzione stilistica della bottiglia della, 112
Coleridge, Samuel Taylor, 72
- *La ballata del vecchio marinaio*, 72-73, 267
- *Kubla Khan*, 72, 267

Colocasia antiquorum (taro), 245
Cook, James, 202, 244
- bibliografia, 282

Coon, Carleton, 26, 30, 34, 56, 64, 174, 188, 238, 260, 274
- modello multiregionale dell'evoluzione umana, 56, 84
- le sottospecie umane, 26-27
- *The Living Races of Man*, 26
- *The Origin of Races*, 26

consanguineità e numero di polimorfismi, 75
creazione, miti della, 15, 170, 201
Crichton, Michael, 172
- *Jurassic Park*, 172

Crick, Francis, 40
Cro-Magnon (uomini pienamente moderni), 183, 211, 213; *vedi anche Homo sapiens*
cromatografia liquida ad alto rendimento, 81-83
cromosoma (-i), 48-50
- perché abbiamo due copie di ogni, 49
- umani, 48
- Y, 83-85, 91, 105; conferma l'origine africana dell'uomo moderno, 83; perdita di geni del, 70; permette di ricostruire una storia patrilineare, 67; polimorfismi del, 76-77, 82-83; lo strumento più utile per studiare i viaggi dell'uomo, 68, 105-106, 240-242; *vedi anche* marcatori del cromosoma Y

Dart, Raymond, 59-60, 127
Darwin, Charles, 19-25, 28, 36, 43, 258
– bibliografia, 274
– contro la tratta degli schiavi, 23-24
– su eredità e ambiente, 23
– linguistica e genealogia, 232-233
– origine africana dell'uomo, 56
– osservazione dei fuegini, 22-23
– osservazione della grande variazione umana, 22
– selezione naturale, 22, 28, 37, 40
– spiegazione della forma degli atolli corallini, 21
– *L'origine delle specie*, 22, 232, 269, 274
– *L'origine dell'uomo*, 25, 55, 267, 274
– *Viaggio di un naturalista intorno al mondo*, 21, 23-24, 267, 274
Darwin Fox, William, 20
datazione, metodi di:
– decadimento di isotopi radioattivi, 97
– luminescenza stimolata otticamente, 98
– potassio 40
– radiocarbonio, 97-98, 117
– uranio-238, 98
– risonanza dello spin elettronico, 98-99
– termoluminescenza, 98-99, 117
dene-caucasica, famiglia linguistica, 215
deriva genetica, 37-38, 41-42
dHPLC (HPLC denaturante), 81-82, 277
Diamond, Jared, 122, 231, 279
– *Il terzo scimpanzé*, 231, 279
diffusionismo, 237
DNA (acido desossiribonucleico), 46-53
– codifica l'essenza biologica di un organismo nella sequenza dei nucleotidi, 79
– dei neandertaliani, 170, 173
– ricombinante, 78
– sequenziazione del, 47, 76, 80
– spazzatura (o DNA non codificante), 70
– struttura a doppia elica del, 40
DNA mitocondriale, 51, 63, 83-85, 91
– accumulazione dei polimorfismi nel, 53-54
– sua analisi fondata sul principio di economia, 53
– sua analisi in un uomo di Neandertal, 170, 173
– esente dalla ricombinazione genetica, 76
– dell'Europa e dell'Asia sudoccidentale, nuova analisi di M. Richards e colleghi, 210-211
– perdita di geni da parte del, 69
– tipi rari presente negli australiani più antichi, 107
– sua variazione negli esseri umani di tutto il mondo, 52-53
Dobzhansky, Theodosius, 39
– bibliografia, 275
Dorit, Rob, 76-77, 83

Down, sindrome di, 89
dravidica, famiglia linguistica, 227
Drosophila melanogaster, 34, 39
Dryas, 216, 268-269
Dubois, Eugène, 57-59, 100, 166
– scoperta del pitecantropo di Giava, 57-59
Dyke, Dick van, 220

Ecuador, 17
Edwards, Anthony, 43-44
Eliot, Thomas Stearns, 31
emoglobine, 45
– loro differenze fra vari animali possono essere usate come orologi molecolari, 46
epicantica, piega:
– come carattere ancestrale dell'umanità, 90
– nelle isole Andamane, 110
– nei san, 88-89
– nella sindrome di Down, 89
epoca glaciale, ultima, 96, 136
Erodoto, 15-16, 224, 267
eugenica o eugenetica, 27-30
Eugenics Education Society, 29
Europa, europei, 254-257
– arte preistorica, 123, 175-176
– espansione dell'uomo in, 132, 135, 141, 152
– sua popolazione fra 30.000 e 15.000 anni fa, 212
– toponomastici non indoeuropei, 231
Eva mitocondriale (o Eva africana), 52-55, 62, 64-65, 78, 84, 171
– sua datazione, 55
Eva eurasiatica (L3), 106-108
– sua datazione, 106
evoluzione:
– prodotta dai mutamenti genetici, 32

Fagan, Brian, 205
– bibliografia, 273, 277, 283
Fa Hien (Sri Lanka): le tracce più antiche del Paoleolitico Superiore nel subcontinente indiano, 113
fit, 40-41
Fitzroy, Robert, 21, 23
Francia: lingua e dialetti, 254-255
Fuegia Basket (Yokchshlu), 23
fuegini, 22-23, 258

Galton, Francis, 28-29, 31
genealogia evoluzionistica di due molecole imparentate, 47
Genesi, 15
– creazione dell'uomo, 15
genetica, 40
– tipo «selvatico» (normale), 39-40
– tipi «mutanti», 39-41
genetica di popolazioni, 36-38
– le forze in gioco: deriva genetica, 37-38, 42, 41; mutazioni, 36-38; selezione naturale, 37-38, 41-42
genetica umana, 33-35, 40
Genghiz Khan, 165
geni, sequenziazione dei, 82
genoma umano, 47-49
Gerico, 203-206, 209
– datazione degli strati più antichi di, 204-205
– Neolitico, 205-206
Germania, 256-257
ghanat, 160
Giava, 111
gibbone, 57
Gilbert, Walter, 47, 76

Gimbutas, Marija, 224, 226
glaciazioni, 96, 136, 151, 166, 181, 185, 189, 193-194, 196, 205-206
– Riss, 101
Goldstein, David, 79, 215
Gould, Stephen Jay, 26, 275
Grecia: toponomastici di origine pre-indoeuropea, 231
Greenberg, Joseph, 196-198, 233-234
– *The Languages of Africa*, 232
Grimm, Jacob e Wilhelm, 256-257
gruppi sanguigni, 32
– A e B come presunti marcatori originari di due razze pure, nordica e meridionale (secondo gli Hirszfeld), 33
– presenti nelle mummie egizie, 33
– 0 (zero), 33; quasi tutti gli americani nativi sono di questo gruppo, 242
guanina, 49, 79, 81
Guidon, Niéde, 189

Hammer, Michael, 77, 191, 268
Harappa, 226-227
Harpending, Henry, 131-132
Hawaii, hawaiani, 201-203, 244
Hawkes, Kristen, 183, 281
Herbert, Frank, 92
– *Dune*, 92
Heyerdahl, Thor, 244
Hirszfeld, Hanka, 32-33
Hirszfeld, Ludwik, 32-33
– polimorfismi dei gruppi sanguigni, 33
Homo, 25
– *erectus*, 59, 62-63, 86, 90, 111, 150, 166-167; non può aver dato origine a un *Homo sapiens* regionale asiatico, 166
– *ergaster*, 62, 90
– *neanderthalensis*, 56, 62-63, 140, 171, 173, 180; *vedi anche* neandertaliani
– *sapiens*, 25, 111, 166, 174, 238, 259; superiore organizzazione sociale, 180-185
Hooker, Joseph, 19
HPLC (cromatografia liquida ad alta pressione), 81, 83
Hrdlička, Aleš, 27
Huxley, Thomas Henry, 19, 22, 43

igiene razziale nella Germania nazista, 29
Impero colpisce ancora, L' (film), 125
India, 15
– lingue, 227. 229. 232
– grande frequenza del gruppo sanguigno B in, 33
– marcatori del cromosoma Y presenti in: M17 (indoeuropeo e steppe), 228-229, 237; M20 (clan dell'India), 113, 166; M172 (clan europeo), 167
indoeuropei delle steppe, 230
– introduzione di carri e cavalli, 230
Italia:
– «espressione geografica» (Metternich), 255
– lingua e dialetti, 255, 257
– meridionale, 212

Jefferson, Thomas, 187, 281

– *Notes on the State of Virginia*, 187, 281-282
Jemmy Button (Orundellico), 23
Jin Li, 79, 167, 271, 277
Johnson, Samuel, 118
– *Lives of the English Poets*, 118
Jones, William, 221-223
Juldasheva, Nadira, 271
junk DNA, 70

Kanzi, bonobo parlante (nell'ameslan), 125
Karafet, Tanya, 191, 282
Kennewick, cranio «caucasoide» di, 196, 199
Kenyon, Kathleen, 203-204, 206
– *Digging Up Jericho*, 282-283
Kidd, Kenneth, 71
Kimura, Motoo, 41
– bibliografia, 275
– errori di campionamento (deriva), 41
– polimorfismi sono evolutivamente neutri, 41-43
Klein, Richard, 122, 189, 271
– bibliografia, 273, 277, 280, 282
– sui grandi progressi del Paleolitico superiore, 122-123
Knopf, Alfred A.: bibliografia, 274
Krings, Matthias, 173-174, 271, 281
kurgan, cultura, 224-225, 228, 230

Landsteiner, Karl, 32, 37
Leakey, Louis, 61
Leakey, Mary, 61
Lewontin, Richard, 11, 34-36, 39, 222, 239, 240
– bibliografia, 275
– ci sono differenze significative nella distribuzione della varietà genetica umana nelle razze umane?, 34-35
lingue e famiglie linguistiche, 254-259
– amerindiane, 196-197
– austronesiane, 224
– basco, 231, 234, 255, 257
– bantu, 222
– bretone, 255
– del mondo, 258
– dene-caucasiche, 234-235
– dravidico, 227, 229, 232
– eschimo-aleutine, 197-198
– etrusco, 231
– evoluzione delle, 221, 236
– francese, 220
– gaelico, 221
– greco, 220
– iberico, 231
– indoeuropee, 221-222, 224-232, 236; ramo germanico, 221; sottofamiglia romanza, 222
– inglese, 220
– italiano, 220-221
– lappone, 220-221
– latino, 220
– *manx* o mannese (o *Ghailckagh*), lingua celtica dell'isola di Man, 256, 258
– mediterranee, 232, 234
– modello genetico della classificazione delle, 222
– nazionali come elemento di coesione politica, 254-259
– nostratico, 234
– persiano (*farsi*), 229
– polinesiane, 244
– protoindoeuropeo, 224-227, 230-231

– sanscrito, 221, 225
– singalese, 221
– sogdiano (la lingua franca della Via della Seta), 253
– spagnolo, 220-221
– sumerico, 232, 234
– sviluppo delle, 123-128, 220-238
– tartessiano, 231
– tocarico, 224
– uralico, 221
– ungherese, 220-221
– yaghan, 258
– yagnobi, 252-254, 257, 258
linguistica e genealogia, 232-233
Linneo (Carl von Linné), 24-25, 34
– classificazione del genere *Homo*, 25, 56
– nomenclatura binomia da lui introdotta, 25
Lucotte, Gerard, 77
Luxor, 35
Lyell, Charles, 20-21

M, gruppo mitocondriale, 107-108
– sua datazione, 107
malattie, 218
Maldive, 16-17
mammut, 162-163, 171, 193, 195, 198
Mao Tse-tung, 122
marcatori del cromosoma Y, 105
– 92R7, 191
– M1, 268
– M3 (clan americano), 190-193, 197, 282; datazione dell', 191; non trovato in Asia, 191
– M9 (eurasiatici), 118, 156-157, 164-165, 215, 234; apparso forse 40.000 anni fa, 156
– M17 (indoeuropeo, Russia meridionale; origine 10.000-15.000 anni fa), 228-229, 237
– M20 (clan dell'India), 157-158, 227-228; invade l'India circa 30.000 anni fa
– M45 (clan dell'Asia centrale; Adamo centroasiatico), 157, 159-160, 164-165, 184-185, 191-193, 199, 213; datazione dell', 159
– M89 (clan dell'Africa nordorientale e del Medio Oriente), 118-119, 145, 153-157, 169, 183, 185, 213, 250; datato a circa 40.000-50.000 anni fa, 153, 169, 176; linee discendenti dell', 157
– M119 (Asia sudorientale), 216
– M122 (Asia orientale), 166, 215, 250
– M130 (clan costiero; non si trova in Africa), 108-109, 115, 119, 145, 154- 155, 198-199, 235, 245, 250, 263; sua emigrazione costiera dall'Africa, forse 50.000 anni fa, 108, 168; sua mescolanza con M168, 168; si trova anche in Mongolia, 168
– M168 (clan eurasiatico, arrivato forse in Asia centrale 35.000 anni fa), 105-109, 118-119, 142, 145, 153-155, 167, 168, 184, 250; sua datazione, 118
– M172 (marcatore neolitico europeo derivato da immi-

grati neolitici dal Medio Oriente), 211, 213, 229, 232
– M173 (clan europeo; europei occidentali), 118, 176-177, 179, 183, 191, 193, 211, 213, 228, 281; apparso forse 30.000 anni fa, 179
– M175 (clan dell'Asia orientale), 157, 165-166, 199, 215; apparso circa 35.000 anni fa, 166
– M242 (clan siberiano), 192, 193, 197-198; sua datazione, 193-194
– *tabella generale dei*, 247
– YAP, 268
Marchesi, isole, 202
mare: variazioni del suo livello negli ultimi 100.000 anni, 114-115
Marley, Bob, 250, 269
Marks, Jonathon, 238
Marshall, Sir John, 226
matrilocale, sistema, praticato dai karen, 238-239, 241
McGrath, Stephen, 272
McKie, Robin: bibliografia, 273, 280
McNeill, William, 218
– bibliografia, 283
Meadowcroft (Pennsylvania), 188-189
– datazione del sito di, 188
Medina, 152
Mendel, Gregor, 31
Menozzi, Paolo, 209, 275
– bibliografia, 273, 283
Metternich, Clemens von, 255
miglio, coltivazione del, 214
mitocondrio, 51
– DNA del, 51
– genoma del, 51
Mohenjio Daro, 226
Monte Verde (Cile), 188-189
– datazione del sito di, 188
Mourant, Arthur, 33-34
– *The Distribution of the Human Blood Groups*, 33, 275
Mousteriano, 156
mtDNA, *vedi* DNA mitocondriale
MTV, 209
multiregionalismo, 56, 84, 174
Mungo, 96-97
mutazioni, 36-37, 50

na-dene, lingue, 197-199, 223, 235
natufiani (da Wadi al-Natuf, Israele), 205-207
Nature, 189
neandertaliani, 56, 62-63, 129, 140, 171, 173, 180
– assistenza ai malati, 129
– analisi del DNA mitocondriale in un uomo di Neandertal, 170, 173
– e *Homo sapiens*, 171, 174
– scoperta dei primi fossili, 171
– sepolture ritualizzate, 129
– sparizione dei, 180-183
– struttura sociale molto dispersa, 180-185
– venuti da climi freddi, 183
negritos, 110, 219
Neolitico, rivoluzione del, 205-223
– aumento delle popolazioni umane nel, 208
– sua diffusione in Asia, 214-216; coltivazione del miglio, 214; coltivazione del riso, 214-215
– sua diffusione in Europa, 208-213

– sviluppo dell'agricoltura, 206-208
Nettles, Daniel, 258
Nobel, premi, 45, 47
nomenclatura biologica binomia, 25
nonne, 183, 281
nucleotidi, 49-50, 79

Occam, Guglielmo d', 42, 44
– rasoio di, 42-44, 46, 69, 89
Oefner, Peter, 80-81, 83
Olduvai, 61
Olivetti, computer, 44
ominidi antichi, storia della loro scoperta, 56-65

Pääbo, Svante, 170-173
paleoclimatologia, 101, 136-141
Paleolitico Superiore:
– adattamento dell'uomo in Africa ad altri tipi di caccia, 140-141
– arte preistorica in Europa, 123
– grande balzo in avanti del, 122-130, 132
– sedentarizzazione di popolazioni del, 204-208
pangamia, 74
panmissia, 74
patrilocale, sistema, 238-239, 241-242
Pauling, Linus, 45-46, 48, 54, 69, 76, 130, 276
Pech Merle, 175-176
Piaget, Jean, 123
Piazza, Alberto, 209, 275, 280-281, 283
– bibliografia, 273
piega epicantica, *vedi* epicantica, piega
pitecantropo (sinantropo) di Zhoukoudian (Chukut'ien), 56, 58-59, 166, 199
Pithecanthropus erectus, 57-58, 86
poligenismo, 25-26
polimerasi, 176-178
polimorfismi umani, 32, 36, 39-40, 48, 50-51, 70
– classici, 39
– il maggior numero è in Africa, 63
– e origine geografica, 75-76
– del sangue: gruppi sanguigni A, B e 0, 33, 39
Polinesia, polinesiani, 201-203, 244-245
popolazione europea:
– consistente diminuzione fra 30.000 e 15.000 anni fa, 212
– successiva espansione demografica con poca variazione, 212
popolazione mondiale:
– all'inizio dell'agricoltura, 207
– all'origine dell'Età industriale, 207
principio di economia (o di parsimonia, o di semplicità), 42, 43, 89
Procoptodon, 96
proteine, 45-46

Qafzeh (Israele), 91, 140
quinkan, 116
Quintana-Murci, Lluis, 107, 271, 278

razza e cultura: confusione fra, 237-238
razze umane: è un concetto valido?, 11, 36
Reich, David, 212

Renfrew, Colin, 225-227, 229-230, 232
- dominanza delle élite, 230
- *Archaeology and Language*, 225, 284

renne, 184, 186, 193
Resolution (nave di Cook), 202
Richards, Martin, 210-211, 283
ricombinazione genetica, 49-50
- ne sono esenti il DNA mitocondriale e il cromosoma Y, 76

Rigveda, 226-227
risicoltura, 214-215, 219
Rift Valley, 60-61
RNA (acido ribonucleico), 81
Roberts, Richard, 99
Romaine, Suzanne, 258
Royal Botanical Gardens di Kew, 19
Ruhlen, Merritt, 124, 233, 235-236, 271, 282, 283
- *The Origin of Language*, 233

Russia:
- ciukci, 186-187
- cultura dei kurgan, 224-225, 228, 230
- M17, marcatore del cromosoma Y delle steppe, 228-229, 237

Ruzibakiev, Ruslan, 271

Sahara, deserto del, 151-153
Sajnovics, Janos, 220-221
- *Demonstratio idioma Ungarorum et Lapponum idem esse*, 220

san (boscimani), 86-88
- epicanto o piega epicantica, 88
- lingua a click, 86-88

Sandwich, isole (Hawaii), 202
Sanger, Fred, 47
Santos, Fabricio, 191
Sardegna: toponomastici di origine non indoeuropea, 231
Savage Rumbaugh, Sue, 126
savane, 101-102
schiavitù, 24, 25
- distinzione delle razze usata come giustificazione dello schiavismo, 25

scimmie antropomorfe, epoca della loro origine, 85
scimpanzé: perché hanno scarse capacità linguistiche, 126-128
sciti, 224
sedentarizzazione:
- e carestie, 216-217
- e diffusione delle malattie, 217-218
- inizio degli imperi e delle guerre, 218
- legata alla raccolta e all'agricoltura, 204-205

Seielstad, Mark, 79, 192, 240-241, 271
- i marcatori del cromosoma Y variano più degli altri marcatori genetici in funzione della distanza geografica, 240-242, 284

selezione naturale, 22, 28, 37-38, 40-42
semang della Malaysia, 110
Semino, Ornella, 211, 281
Shaw, George Bernard, 220
siberiani ancestrali (M45 + M99), 164-165
Sinanthropus pekinensis, 59, 166
Singh, Greg, 117
sinodontia, 188, 260
Skuhl (Israele), 91, 140
Società, isole della, 202

specie:
– definizione di, 24
specie umana, 18-30
– non esistono suddivisioni razziali fondate nella, 34-36
– una..., 18-24
– ... o molte? , 24-30
Spencer, Herbert, 28
– sopravvivenza del più adatto, 28
SRY, 70
Stati Uniti: un crogiolo di razze, 259-262
statura nell'uomo moderno, variazioni nella, 90
Steinem, Gloria, 66, 241
sterilizzazione forzata di subnormali negli Stati Uniti, 30
sterminio di gruppi considerati inferiori nella Germania nazista, 30
Stoneking, Mark, 52, 241, 262
– bibliografia, 276, 284
Stringer, Chris, 135, 280, 281
Sumatra, 17, 57, 214

Tagikistan: gruppo etnico yagnob, 254-254, 257
Talmud, 29
taro, 245
Taung, bambino di, 59-60, 127
temperate, regioni: resistenza alle variazioni di clima degli animali delle, 138
termoluminescenza, 98-99, 117
Terra del Fuoco, 22-24, 200
test d'intelligenza e quote sull'immigrazione negli Stati Uniti, 30
Thailandia: 110, 115
– resti del Paleolitico superiore a Lang Rongrien, 114
– sistema matrilocale praticato dai karen, 238-239, 241, 284
timina, 49, 79, 81
Torroni, Antonio, 190, 197, 282
Trinil (Giava), 57-58
Trinkaus, Eric, 277
Tutankhamon, 12
Tyler-Smith, Chris, 191, 271, 277

Underhill, Peter, 78, 81, 83, 191, 271, 278, 280, 282, 282
uniformismo (o attualismo), 20
università:
– di Amsterdam, 57
– dell'Arizona, 77, 191
– Australian National University, 110
– della California a Berkeley, 48, 171
– California Institute of Technology a Pasadena, 45
– di Chicago, 34
– del Delaware, 78
– Emory University ad Atlanta, 190
– Harvard University, Museo di storia naturale della, 11, 20
– Massachusetts Institute of Technology, 212
– del Michigan, 171
– di Monaco di Baviera, 170, 171
– di Oxford, 191, 210, 271
– di Pavia, 39
– della Pennsylvania, 27, 131
– Stanford, 11, 78-79, 81, 170, 190, 271
– University College di Londra, 215

– di Witwatersrand (Sudafrica), 59
– di Yale, 71
– di Zurigo, 32
uomo:
– sua espansione dall'Africa in Asia e in Europa, 132, 135, 141, 152
– linee evolutive più antiche nelle popolazioni africane, 86, 104
– moderno: datazione della sua origine e uscita dall'Africa, 85, 91, 100, 102, 122, 132, 140, 141, 145, 152
– Paleolitico Superiore: adattamento degli esseri umani in Africa a nuovi tipi di caccia, 140, 141; inizio della sua migrazione verso est, 156
– rapidità di crescita delle sue popolazioni, 131-133
– sviluppo di una cultura complessa, 127-129

Verdi, Giuseppe, 240

Wallace, Doug, 190, 191, 197, 282
Walter, Robert, 101-102
Watson, James, 40
Wedgwood, Josiah, 19
Wells, Spencer: bibliografia, 279, 280
Wells, Trendell, 75, 272, 273
Wilberforce, Samuel, 18-19, 22
Wilson, Allan, 48, 51-53, 171, 262
– bibliografia, 276
Wolpoff, Milford, 171
Woods, Tiger, 261-262
Wordsworth, William, 72

Y, cromosoma: *vedi* cromosoma Y *e* marcatori del cromosoma Y
yagnob, 254-254, 257
Yoda, maestro Jedi, 125
York Minster (El'leparu), 23

Zafarraya, 180
Zerjal, Tatiana, 271
Zhoukoudian (Chukut'ien), 166
Zubrow, Ezra, 181
Zuckerhandl, Emile, 45-46, 48, 54, 64, 69, 76, 130
– bibliografia, 276
– confronto delle emoglogobine per definire il grado di parentela fra specie animali diverse, 46
– i polimorfismi come orologio dell'evoluzione, 76
Zygomaturus, 96

INDICE GENERALE

Prefazione 9

1. La scimmia diversa 15
 Una sola specie... 18
 ... o molte? 24
 Fuori dalla torre d'avorio 27

2. E pluribus unum 31
 Le forze in gioco 36
 Il contributo italiano 39
 Il rasoio di Occam 42
 Un brodo di alfabeti 45
 Il giardino affollato 48
 Coraggio olandese 56
 Un problema di cronologia 62

3. Il compagno di Eva 66
 Acqua, acqua dovunque... 72
 ... ma non un goccio da bere 76
 Sotto pressione 78
 Adamo è in ritardo 83
 L'importanza del click 86
 Faccia a faccia 88
 Fuori dal nido 91

4. Seguendo le coste 93
 Morte e decadimento 96
 La costa e l'interno 100

M & M 104
Una via sommersa 111
Un Ararat in Australia? 115

5. Salti e balzi 118
Ginnastica mentale 119
Il brodo batterico 130
Il grande freddo 133

6. La linea evolutiva principale 142
Barriere continentali 150
Avanti verso est! 156
Bastoncini di bambù 164

7. Sangue da una pietra 170
Un temperamento artistico 175
Alla disperata ricerca di una data 177
Nonne e nipotini 180
Pietre da guado 183
L'ultima frontiera 186
Manifesto destino 194
Quante ondate? 196
Un altro big bang 199

8. L'importanza della cultura 201
Una rottura col passato 203
Il secondo big bang 206
La ricaduta genetica 208
Gli uomini del riso 214
Falce a doppio taglio 216
Balbettamenti 219
Alla ricerca di una patria d'origine 223
Il grande quadro 232
Un avvertimento 237
Politica sessuale 238

Ritorno al mare 244

9. L'ultimo big bang 250
Un filo linguistico 252
Lingue in declino 254
Il crogiolo globale 259
Una finestra che si chiude 263

Note 267

Ringraziamenti 271

Altre letture 273

Indice analitico 285